

**BUNDESREPUBLIK DEUTSCHLAND**

EN

DE 99/909

09/646569

**Bescheinigung**

Die metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH in Berlin/Deutschland hat eine Patentanmeldung unter der Bezeichnung

"Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustnormalgewebe"

am 20. März 1998 beim Deutschen Patent- und Markenamt eingereicht.

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

Die Anmeldung hat im Deutschen Patent- und Markenamt vorläufig die Symbole C 07 K, C 12 N und A 61 K der Internationalen Patentklassifikation erhalten.

München, den 29. April 1999

**Deutsches Patent- und Markenamt**

**Der Präsident**

Im Auftrag

Joost

Aktenzeichen: 198 13 835.0



**PRIORITY DOCUMENT**  
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN  
COMPLIANCE WITH  
RULE 17.1(a) OR (b)

**Kopie für Priobeleg 198 13 835.0**

**Zeichen der Anmelderin:  
51572ADEM1XX24-P**

## Menschlich Nukleinsäuresequenzen aus Brustnormalgewebe

- Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.  
Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- 10 Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- 15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
- 25 experimentelle Herangehensweise sehr.
- Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags)
- 30 sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der
- 40 cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
- 45 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich
- 50 größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.76 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

10

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76.

15

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

25

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

40

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76, die im Brustnormalgewebe erhöht exprimiert sind bzw. in Brusttumorgewebe vermindert exprimiert sind.

45

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76 hybridisieren.

50

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.



Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 10 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

- 25 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 30 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

- 40

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 45 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

- 50 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine  
 5 Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 77-88, 90, 91, 93-95, 97-113, 115-127, 132-160.  
 10

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos. 77-88, 90, 91, 93-95, 97-113, 115-127, 132-160 aufweisen.  
 15

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 76 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 77-88, 90, 91, 93-95, 97-113, 115-127, 132-160 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.  
 25

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.  
 30

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 enthalten.  
 40

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.  
 45

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten  
 50

BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 76, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Es wurde ferner gefunden, daß bestimmte Nukleinsäure-Sequenzen auch im Fettstoffwechsel eine Rolle spielen. Die Erfindung betrifft deshalb auch die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos.: 3, 37, 45, zur Behandlung von krankhaften Veränderungen des Fettstoffwechsels.

## Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.

## 15 Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

## Erklärung der Abbildungen

25	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
30	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
40	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

## Beispiel 1

### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brustgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet.

Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

## Beispiel 2

### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schaffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

##### 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 39 gefunden, die 21x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes alpha-B-Crystallin.

Das Ergebnis ist wie folgt:

#### Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0139	0.0102	1.3639	0.7332
	Brust	0.0919	0.0044	21.0995	0.0474
	Eierstock	0.0091	0.0104	0.8765	1.1409
	Endokrines Gewebe	0.0146	0.0027	5.3582	0.1866
	Gastrointestinal	0.0213	0.0048	4.4784	0.2233
	Gehirn	0.1941	0.1358	1.4296	0.6995
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0995	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.2405	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0324	0.0142	2.2824	0.4381
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.1456	0.0180	8.0893	0.1236
	Niere	0.0327	0.1643	0.1990	5.0254

	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0238	0.0149	1.5980	0.6258
	Uterus	0.0363	0.0356	1.0212	0.9793
5	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duennndarm	0.0156			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
15	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.1063			
20	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0419			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.2925			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
30	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0379			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0874			
35	Hoden	0.0234			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0462			
	Prostata	0.0321			
40	Sinnesorgane	0.0542			

## 2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 41 gefunden, die 15x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes extrazelluläres Protein S1-5.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0186	0.0026	7.2739 0.1375
	Brust	0.0666	0.0044	15.2895 0.0654
60	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0436	0.7954 1.2573
	Gastrointestinal	0.0078	0.0095	0.8143 1.2291
	Gehirn	0.0288	0.0077	3.7599 0.2660
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000

	Haut	0.0497	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0498	0.0000	undef	0.0000
5	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0095	1.3168	0.7594
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0420	0.2039	4.9036
	Niere	0.0173	0.0000	undef	0.0000
10	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0799			
15	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
20					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
30	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
35					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
40	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0156			
45	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

### 50 2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 42 gefunden, die 12x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

55

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft sezerniertes „frizzled-related protein“.

Das Ergebnis ist wie folgt:



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0511	0.0026	20.00330	0.0500
	Brust	0.0533	0.0044	12.23160	0.0818
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0059	0.0099	0.6021	1.6609
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4996	2.0015
20	Niere	0.0535	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0231	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1126			
	Duenndarm	0.0156			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0615			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0573			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0279			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0340			
	Eierstock-Uterus	0.0205			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0117			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0161			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0139	0.0179	0.7793	1.2831
	Brust	0.0160	0.0022	7.3390	0.1363
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0109	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0039	0.0238	0.1629	6.1405
	Gehirn	0.0102	0.0088	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9744
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8565	1.1675
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0128	0.3729	2.6818
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
60	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0143	0.0000	undef
10	Gehirn 0.0093	0.0044	2.1288	0.4698
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
20	Pankreas 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0071	0.0064	1.1186	0.8939
	Uterus 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duennndarm 0.0093			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0031			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0079			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
40	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0140			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0205			
50	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0052			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0065			
55	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0050			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
60				

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.1066	0.0065	16.308	0.0613
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0448	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0400			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0054	0.3349	2.9861
10	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0034	0.0022	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0025	0.0024	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0033	0.0214	0.1547	6.4632
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0160			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0064			
60	Sinnesorgane	0.0155			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0790	0.0435	1.3185	0.5499
	Brust	0.0187	0.0022	8.5621	0.1168
	Eierstock	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0085	0.0033	2.5804	0.3875
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0212	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.1159	0.0383	3.0238	0.3307
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0898	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0262	0.0192	1.3672	0.7314
	Uterus	0.0099	0.0427	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duenn darm	0.0530			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
50	Eierstock-Uterus	0.0160
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0000			
55	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0054	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0144	0.0110	1.3160	0.7599
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0025	0.0095	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0149	0.3196	3.1288
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0091
50	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0128
60	Sinnesorgane	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0093	0.0022	4.2811	0.2336
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
50	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0080	0.0022	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0054	2.3442	0.4266
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0042	0.0022	1.9353	0.5167
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0030	0.0137	0.2171	4.6066
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0083	0.0356	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefuesse	0.0164
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0185
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0128
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0140
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0285
55	Haut-Muskel	0.0291
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0187	0.0022	9.5621	0.1169
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0076	0.0011	6.9669	0.1435
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0137	0.3854	2.5949
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8479
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0195
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0140

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0558

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0023
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0232	0.0026	9.0924	0.1100
	Brust	0.0306	0.0044	7.0332	0.1422
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0252	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0274	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0204
	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0000

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn 0.0017	0.0011	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0074	0.0275	0.2698	3.7070
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestenstinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaessee 0.0041			
40	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
50	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0140			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0065			
55	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0064			
	Sinnesorgane 0.0000			
60				
65				

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duennndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
40	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0340
	Eierstock-Uterus 0.0000
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
55	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

60

65



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
10	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0544
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0133		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0058		0.0000		undef	0.0000
10	Gehirn	0.0000		0.0033		0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0014		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0060		0.5710	1.7513
	Niere	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0024		0.0064		0.3729	2.6818
	Uterus	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109					
	Duennndarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
40	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
45	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0068					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0023					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
55	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60							
65							

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
	Brust	0.0133	0.0022	6.1158	0.1635
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756
	Niere	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
50	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0198			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0139	0.0153	0.9092	1.0998
	Brust 0.0173	0.0022	7.9505	0.1258
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal 0.0058	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn 0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0298	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0106	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis 0.0000	0.0533	0.0000	undef
	Prostata 0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0327			
	Duennndarm 0.0062			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0244			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0039			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
40	Lunge 0.0074			
	Niere 0.0062			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0279			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0023			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0114			
	Haut-Muskel 0.0065			
55	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0050			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
60				
65				

65

[illegible]

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5		Blase	0.0139	0.0128	1.0911	0.9165	
		Brust	0.0160	0.0022	7.3390	0.1363	
		Eierstock	0.0030	0.0182	0.1669	5.9900	
10		Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0082	0.6698	1.4930	
		Gastrointestinal	0.0136	0.0000	undef	0.0000	
		Gehirn	0.0034	0.0164	0.2064	4.8443	
		Haematopoetisch	0.0126	0.0000	undef	0.0000	
15		Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
		Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
		Herz	0.0170	0.0275	0.6166	1.6218	
		Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
		Lunge	0.0174	0.0071	2.4580	0.4068	
		Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874	
		Muskel-Skelett	0.0188	0.0180	1.0469	0.9552	
		Niere	0.0297	0.0137	2.1708	0.4607	
		Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
		Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
		Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879	
		Uterus	0.0017	0.0285	0.0580	17.2351	
		Brust-Hyperplasie	0.0036				
		Duennndarm	0.0062				
		Prostata-Hyperplasie	0.0000				
		Samenblase	0.0000				
30		Sinnesorgane	0.0000				
		Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
35		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
		Entwicklung	0.0000				
		Gastrointestinal	0.0339				
40		Gehirn	0.0000				
		Haematopoetisch	0.0275				
		Herz-Blutgefuesse	0.0041				
		Lunge	0.0111				
		Niere	0.0124				
45		Prostata	0.0249				
		Sinnesorgane	0.0419				
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
		Brust	0.0000				
		Eierstock-Uterus	0.0411				
		Endokrines_Gewebe	0.0245				
55		Foetal	0.0525				
		Gastrointestinal	0.0122				
		Haematopoetisch	0.0000				
		Haut-Muskel	0.0259				
		Hoden	0.0000				
60		Lunge	0.0082				
		Nerven	0.0060				
		Prostata	0.0000				
		Sinnesorgane	0.0000				

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.0102	0.9092	1.0998
	Brust	0.0267	0.0087	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0082	1.5628	0.6399
	Gastrointestinal	0.0174	0.0095	1.9321	0.5458
	Gehirn	0.0127	0.0153	0.8294	1.2057
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0194	0.7651	1.3069
15	Herz	0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0212	0.0189	1.1193	0.8934
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0120	1.9985	0.5004
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0114	0.0166	0.6857	1.4584
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0191	0.0298	0.6392	1.5644
	Uterus	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0247
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0160
50	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0245
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0211
	Prostata	0.0256
60	Sinnesorgane	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0466	0.0131	3.5675	0.2803
	Eierstock	0.0304	0.0130	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0300	0.7916	1.2633
10	Gastrointestinal	0.0136	0.0238	0.5700	1.7544
	Gehirn	0.0424	0.0263	1.6127	0.6201
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
15	Herz	0.0265	0.0687	0.3854	2.5949
	Hoden	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0336	0.0236	1.4221	0.7032
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0307	1.5749	0.6350
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0240	0.6424	1.5567
	Niere	0.0119	0.0274	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0133	0.0166	0.8000	1.2501
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0170	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duennndarm	0.0187			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0277			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0236			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0368			
	Lunge	0.0407			
	Niere	0.0309			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0279			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
50	Eierstock-Uterus	0.0228			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0280			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0171			
55	Haut-Muskel	0.0648			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0221			
	Prostata	0.0192			
60	Sinnesorgane	0.1393			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465	2.2395
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
40	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0114
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0087
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
55	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0293	0.0087	3.3637	0.2973
	Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0054	1.6745	0.5972
	Gastrointestinal	0.0155	0.0190	0.8143	1.2281
10	Gehirn	0.0008	0.0077	0.1106	9.0427
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0194	0.2550	3.9208
	Herz	0.0053	0.0550	0.0963	10.3795
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0075	0.0071	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1406	0.3184
20	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0095	0.0276	0.3428	2.9168
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0128	0.9322	1.0727
	Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0470			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefuesse	0.0164
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0183
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0105
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0139	0.0077	1.8185	0.5499
	Brust 0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock 0.0030	0.0156	0.1948	5.1343
	Endokrines_Gewebe 0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal 0.0136	0.0143	0.9500	1.0527
10	Gehirn 0.0059	0.0033	1.8062	0.5536
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
15	Hoden 0.0366	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis 0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenndarm 0.0218			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0123			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0041			
40	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0272			
	Eierstock-Uterus 0.0046			
50	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0070			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0285			
	Haut-Muskel 0.0000			
55	Hoden 0.0156			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0100			
	Prostata 0.0256			
	Sinnesorgane 0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0128	0.7274	1.3748
	Brust	0.0200	0.0044	4.5868	0.2180
	Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0191	0.0957	10.4512
10	Gastrointestinal	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0110	0.0197	0.5591	1.7887
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0137	0.1541	6.4872
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0075	0.0118	0.6321	1.5821
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714	14.0102
	Niere	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0238	0.0192	1.2429	0.8046
	Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
30	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0157
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0192
55	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0234
	Lunge	0.0000
60	Nerven	0.0131
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0147	0.0022	6.7274	0.1486
	Eierstock	0.0091	0.0052	1.7529	0.5705
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duendarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0227	0.0022	10.3969	0.0962
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
50	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0325	0.0077	4.2431	0.2357
	Brust	0.0386	0.0065	5.9119	0.1691
	Eierstock	0.0122	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.9187
	Gehirn	0.0110	0.0033	3.3545	0.2981
	Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8399	1.1905
20	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0165	0.0071	2.3208	0.4309
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0544			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
60	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
65					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.1053	0.0131	8.0525	0.1242
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0240	0.9279	1.0777
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
30	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0618			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
50	Brust	0.1632			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0000			
55	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

FOETUS  
%HaeufigkeitNORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
%Haeufigkeit

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0000	0.0099	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0047	0.7901	1.2657
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0191	0.0043	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0017	0.0427	0.0387	25.8527
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0185			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0325	0.0051	6.3647	0.1571
	Brust	0.0267	0.0065	4.0772	0.2453
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0068	0.0307	0.2212	4.5213
	Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0129	1.5303	0.6535
15	Herz	0.1303	0.3299	0.3950	2.5316
	Hoden	0.0183	0.0351	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0174	0.0118	1.4748	0.6781
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0460	0.2100	4.7622
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6281	1.5921
20	Niere	0.0119	0.0479	0.2481	4.0308
	Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285	0.9723
	Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4840
	Prostata	0.0143	0.0021	6.7118	0.1490
	Uterus	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0327			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.1058			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0977			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
	Eierstock-Uterus	0.0137			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0852			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0253	0.0044	5.8100	0.1721
	Eierstock	0.0152	0.0338	0.4495	2.2249
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0136	0.0044	3.0964	0.3230
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0024	2.6336	0.3797
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0064	1.4915	0.6705
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0079
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082
	Lunge	0.0111
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
50	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:120:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

GGECSEFGHCE ASGRGSDCSR THGREEALTG LPACEVSGLE VQRSPADKDG IRHEVP 56

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:121:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

PSLPQVPLQA CVSAYLCGDP AAVGAQPQG PQGPALPRKH GGSKREEGHH GLQS 54

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:122:

- (A) LÄNGE: 193 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear



22

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

TNEHTLTSYL QLPFSFNRIV KASCILI

27

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

PGGCEGENVL LATVKPQEGA RIAQGPMGER RL

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

RSNAVQLTRM EYAMKSLSL YPKSLSRHVS VRTSVVTQQL LSEPSPKAPR ARPCRVSTAD 60  
RSVRKGIMAY SLEDLLKVR DTLMLADKPF FLVLEEDGTT VETEYFQAL AGDTVFMVLQ 120  
KGQKWQPPSE QGTRH 135

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

PVIYSVLIRS EIRYKISRPV TTDFIKSESL ILACLYLISE RMSTL

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

PDCESEFMYFN LDSVFLRVLS MKLADSRQDS FFHHGWLISP

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- (A) LÄNGE: 27 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



CNASPFWCYE VPLCRRFHQQ LVTVPSTRTC FEIS

94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

- (A) LÄNGE: 324 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

```

GLSTFQNWLP STPATSWGGL TSSRTTDNGG EQTALSPQEA PFSGISTPPD VLSVGPEPAW 60
EAAATTGKLA TDVATFTQGA APGREDTGLL TTTHGPEEAP RLAMLQNELE GLGDIFHPMN 120
AEEQAQLAAS QPGPKVLSAE QGSYFVRLGD LGPSFRQRAF EHAVSHLQHG QFQARDTLAQ 180
LQDCFRLEIK AQQAPEGQPR LDQSGASAE DAAVQEERDA GVLSRVCGLL RQLHTAYSG 240
VSSLQGLPAE LQQPVGRARH SLCELYGIVA SAGSVEELPA ERLVQSREGV HQAWQGLEQL 300
LEGLQHNPL SWLVGPFALP AGGQ 324

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

IAMTPPNATE ASKPQGTTCV PPCDNELKSE AIIEHLCASE FALRMKIKEV KKENGDKKIV 60
PKKKKPLKLG PIKKKDLKKL VLYLKNAGDC PCHQLDNLSH HFLIMGRKVK SQYLLTAIHK 120
WDKKNKEFKN FMKKMKNHEC PTFQSVFK 148

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

WATPNHYCFL KVFSPSSPGT ALTALQSKHW TTRAWLTKG

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:111:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

RYFHPLRLVQ PSQLFRASGT LQGHGSQKVN GWGLPSPG

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:112 :

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

RKMLRAALPA LPIPRCKYTL FLIAHMGPPY LLALVLMKLS WPWERCLPGR HSCLVQAKPL 60

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

```
NELKASGGEI KIHKMEQKEN VPPGPEVCIT HQEGEKISAN ENSLAVRSTP AEDDSRDSQV 60
KSEVQQPVHP KPLSPDSRAS SLSESSPPKA MKKFQAPARE TCVECQKTVY PMERLLANQQ 120
VFHISCFRCS YCNNKLSLGT YASLHGRIYC KPHFNQLFKS KGNIDEFGFH RPHKDLWASK 180
NENEEILERP AQLANARETP HSPGVEDAPI AKGGVLAASM EAKASSQQEK EDKPAETKKL 240
RIAWPPPTTEL GSSGSALEEG IKMSKPKWPP EDEISKPEVP EDVDLDLKKL RRSSSLKERS 300
RPFTVAASFQ STSVKSPKTV SPPIRKGWSM SEQSEESVGG RVAERKQVEN AKASKKNGNV 360
GKTTWQNKES KGETGKRSKE GHSLEMENEN LVENGADSDE DDNSFLKQQS PQEPKSLNWS 420
SFVDNTFAEE FTTQNQKSQD VELWEGEVVK ELSVEEQIKR NRYDEDEDE E 471
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 109 :

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```
SLLLPKGIFT LFAWYSPHSS SEQALDYKGM AHKRLMDGGY LALANSPSIP NSLSLFEEKC 60
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

HLLSPPHILG TAFSSTGNGT DGQKTSITFM KGLLELPGKK ACLGELGRCR QCGWAGGQPV 60  
VLLPAQ 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

PTSLIWPTTM FCSVHVLFKS ILNWLPSEFKL NQTLKAWSSH TGPTFPHGNY ERAPAQQGLS 60  
RSLPPPLPVP QIWPLLKIR TATGPSEPKP T 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

LLPSFFLHFS LSIYFPHPTF LEQPLVLQEM ALMDRRLALP S

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 471 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```

MRTHVLCYHW PRKRESQDSR AWTWGKGLLW DSAPQPLGGP RVWGQDWVSA LTHRISPGPK 60
AEKKSGRRSR RQGWWTKVGV RLKSGSETRF DHTHHPSVPP GQHAPLEPLH RLIRTRQNLL 120
LTNLLRAVYR GITLVQEGCP SCFHTTTGPT IPLLASLRRP RDPQKPGEKE SWPLVSTAFR 180
ATGGDAQMTW VKGLSQT 197

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

```

SEARNAPSGT AOTFAMGEMT GTISSMYQTK AVIIAMIITA VVSISVTIFC FQTKVDFTSC 60
TGLFCVLGIV LLVTGIVTSI VLYFQYVYWL HMLYAALGAI CFTLFLAYDT QLVLGNRKHT 120
ISPEDYITGA LQIYTDIIYI FTFVLQLMGD RN 152

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

MGKGLGEDGQ QRARESWTSQ RRRPQQVQSR AATSCPAGCL EGRGQRRVMS LQLGEGPSEL 60  
HVAFSQREQE GRIGRENNGE GTCEGKQGGG ERFDQPAITV FWLSYLARRL RDRYITS 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

MNRGPPTFWT FEDRGAKRDR SARGPHPAPL GEPLLTWVSL RLHQLVGLQA SPDDSPHCWA 60  
TLNLKFHCPA PPTPTPKFPK EMSKTHAHTY IHTCTCAHTS CVTTGQGNAS LRIPGPGPGV 120  
KGCSGTLPPN LLEDPECGGR IGCLP 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(A) LÄNGE: 197 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

FFLYFNQV FY WSGNCKIYKF LKGISCLKAS IALYPRSLIQ TNTQNTKES

59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

MGNKEPGSHG HRSADADPSRF SPVLPPAVQL GVWREEGRGG SCPFSWGRGP VSSTWLFPPKG 60  
 SKREGLGEKT MERGPAKENR EEVSGLISLL SRCSGSLI 98

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

```

RGAGTQPGPL LKKPYQPRIK ISKTSVDGDP HFVVDFFPLSR LTVCFNIDGQ PGDILRLVSD 60
HRDSGVTVNG ELIGAPAPPN GHKKQRTYLR TITILINKPE RSYLEITPSR VILDGGDRLV 120
LPCNQSVVVG SWGLEVSVSA NANVTVTIQG SIAFVILIHL YKKPAPFQRH HLGFIYIANSE 180
GLSSNCHGLL GQFLNQDARL TEDPAGPSQN LTHPLLLQVG EGPEAVLTVK GHQVPVWVKQ 240
RKIYNGEEQI DCWFARNNAI KLIDGEYKDY LASHPFDTGM TLGQGMSREL 290

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

```

NQFTSCILFC DGGHWRELLF QSIMSSHWTL KILLVPLFYI SLEFPGFVL CLANDLGYHF 60
SSRVRS 66

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

```

VPGALPLAVG PPPPPSGFPR NVQPRRPSQS LGRVMSAGPD KRPLGTLCCE VSFL 54

```



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

GFHPTFVRLV SNSLTFVIPP RLGLPKVPGI TRHEPITPWS TFF

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(A) LÄNGE: 188 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

MPVLR EY LMS GGICPVSRDT IDYLLSKNGS GNAIIVVGG AAESLSSMPG KNAVTLNRNK 60  
 GFVKLALRHG ADLVPIYSFG ENEVYQVIF EEGSWGRWVQ KKFQKYIGFA PCIFHGRGLF 120  
 SSDTWGLVPY SKPITTVVGE PITIPKLEHP TQQDIDLYHT MYMEALVKLF DKHKTKFGLP 180  
 ETEVLEVN 188

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(A) LÄNGE: 290 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```
MDLSLLWVLL PLVTMAWGQY GDYGYPYQQY HDYSDDGWVN LNRQGFSYQC PQGQVIVAVR 60
SIFSKKEGSD RQWNYACMPT PQSLGEPTEC WWEEINRAGM EWYQTCSNNG LVAGFQSRYP 120
ESVLDREWQF YCCRYSKRCP YSCWLTTEYP GHYGEEMDMI SYNDDYYIRG ATTTFSAYER 180
DRQWKFIMCR MTEYDCEFAN V 201
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

```
MGNGLSEERG NNFNHISPIP PVPHPRSVIQ QAEEKLHTPQ KRLMTPWEES NVMQDKDAPS 60
PKPRLSPRET IFGKSEHQNS SPTCQEDEED VRYNIVHSLP PDINDTEPVT MIFMGYQQAE 120
DSEEDKKFLT GYDGIIHAEL VVIDDEEEED EGEAEKPSYH PIAPHSQVYQ PAKPTPLPRK 180
RSEASPHENT NHKSPHKNSI SLKEQEEESLG SPVHHSPFDA QTTGDGTEDP SLTALRMRMA 240
KLGGKKVI 247
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (A) LÄNGE: 314 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```

KRCQRKQPLR GIGILKQAIK KMOMNTNQLT SIHADLCQLC LLAKCFKPAL PYLDVDMMDI 60
CKENGAYDAK HFLCYYYYGG MIYTGLKNFE RALYFYEQAI TTPAMAVSHI MLESYKKYIL 120
VSLILLGKVQ QLPKYTSQIV GRFIKPLSNA YHELAQVYST NNPSELRLNV NKHSETFTRD 180
NNMGLVKQCL SSLYKKNIQR LTKTFLTLSL QDMASRVQLS GPQEAKEYVL HMIEDGEIFA 240
SINQKDGMSV FHDNPEKYNN PAMLHNIDQE MLKCIELDER LKAMDQEITV NPQFVQKSMG 300
SQEDDSGNKP SSYS 314

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```

VLQEKIKIKK EKKEKIKFKN CFENVQIKSN ILIIHLHVLL NILIMWMFTL CMILAEYH 58

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

NRGGVGFVG WSLPFELLIF MSRLQNSRVG LTMWGGGGSS LFFYFQVHSW GWWGGRRIP L 60  
PKPLVCAELA L 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

YRHEPLYPAF PYKIQRENFY TFIPQIKQVL SSYRALARSI CKRNLKFSCR IKL DK 55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- (A) LÄNGE: 411 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

LATHSPQKSH QCAHCEKTFN RKDHLKHNH LQ THDPNKMAFG CEECGKKYNT MLGYKRHLAL 60  
HAASSGDLTC GVCALELGST EVLLDHLKAH AEEKPPSGTK EKKHQCDHCE RCFYTRKDVR 120  
RHLVVHTGCK DFLLCQFCAQR FGRKDHLTRH TKKTHSQELM KESLQTGDLL STFHTISPSF 180  
QLKAAALPPF PLGASQNG L ASSLP AEVHS LTLSPPEQAA QPMQPLPESL ASLHPSVSPG 240  
SPPPLPNHK YNTTSTSYSP LASLPLKADT KGFCNISLFE DLPLQEPQSP QKLNPGFDLA 300  
KGNAGKVNLP KELPADAVNL TIPASLDLSP LLGFWQLPPP ATQNTFGNST LALGPGESLP 360  
HRLSCLGQQQ QEPPLAMGT V SLGQLPLPFI PHVFSAGTGS AILPHFHNAF R 411

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

GTRHPLSLSH KPAKKIDVAR VTFDLYKLNQ QDFIGCLNVK ATFYDTYSLS YDLHCCGAKR 60  
IMKEAFRWAL FSMQATGHVL LGTSCYLQQL LDATEEGQPP KGKASSLIPT CLKILQ 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(A) LÄNGE: 167 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

FIANSLISHA SMLANSLTNV LGWGPEGREH HESTACEAGL LRGRHLHANGG TDFRTSLDGL 60  
SCLGQEGAGS GQELVLLWP THPRFPAPPP HSGSCAVREV WGGSRLYSCQ ACGHYQLSVR 120  
PPVSPSLGKA SKDLGFHCSI FRQVGIRDEA LPLGGCPSSV ASRSCCR 167

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

LGQDSHQHIT HVLLGREKQY IPVERSQSIG GRNVVKGGRG YAAAPSVPEV AVIP

54

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

GDQAHREQGK EQAMFDKKVQ LQRMVDQRSV ISDEKKVALL YLDNEEEEND GHWF

54

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

KTPSLQSKTK NNKWSCAMLY CFAQN

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81 :

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

DPVSTKQNEK QQMELCYVVL LCTKLGTGV

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

PKRRVSDTSS GPTPCMEPIL GRTHYSQLRK KS

32

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

MRTSKFILFI FSDVGNGLG F KRELEEGMFD SHRRFLQQMP LLAISHFFPQ ILPTEAQAFT 60  
VS 62

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

RPRLYKAKRK TTNGVVLCCI ALHKIRNRCL TIEFVFCEF

39

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



```

tccctgagga gtgggcatte tgggccagcc ggcgtggct tcgtgcctcc acgtgggcca 780
gccccagctg ctccgtgttt cctggcgttg gcaatttact gtgtgctga gtgtgaggtc 840
atctccggag cgttttcagc agccctggc tctgcggcgt ctcttcggg ctgtgggcat 900
gcagggaagt ggctgtgagg cagtctgcgc tgtggccctg cctctgcca gcgagaggcc 960
gtgggctctg gacaagccgc ccttcaggct ggggtagcag gtcagtccag gcaggaagca 1020
gcacctgccc ccgcgccag cccagcccca gcctgagtgc aggagctgca ggaccgcgg 1080
gggcttttcc agctactctg ttccttcacg tctcccttc tcagcctcgt ccaagcaccg 1140
ggaagacctc caggctgacc ccttgagcag cagtcagcac aggtgcgtgg gggcgtgagg 1200
gaggcagggt cttcaccaca ggcgccttcc tctgtccttc ctgctcttcc ttctctgccc 1260
aggcgcgtgc agctgcacag cctctgctac acctgggctg cctgggaggc ttctgtgtgt 1320
ggtgtctgga cccacggcc ttgggtcatc ctgtggctgg tctgggggtg ggtctgttgt 1380
ggtccttcca cgggtgtcagt ggctgaagt cctcgtctt tggggggggg gtctctcacc 1440
cccaggccac ataggggcag tggtaggggt tccctctatg tcgggcagtg ctgagggctg 1500
ggatgctctg tgacccagc tggagccac acctaaaggc tggcatccac atcatttcac 1560
cctgcagtga gggaagaggc caccaggctg cagcacagcc acaccgttc ccacgtcaga 1620
ggagggaagt gctgggtact cagcagccac tctgagccgg ggctccttc aggagctgaa 1680
atccacctgt ctccatcttc cttgcctgcc ttgtactca tgccaagcag agactgggat 1740
taggggttct gtgtctcttg ctaattagga acattctccc atgtctcttg tgtgttcca 1800
gaaggagaag tgagtttggc aaggatatgg ggcaggaggc tccctctgct gacccctgc 1860
agcctggagc cagcccgggg actgtcctgg gtggagggca ggtgaacaca agctgctgcc 1920
ggggactgtc ctgggtggac ggcaggtgaa cacaagcggc tgccgcatgt agccactcac 1980
tcgacttttt ttcagctgtg accattcctg ggagctcttt gagcctttct gtctcatttg 2040
gaaccagggg gaaccaggaa ggggctcctg gcctctctgt gtctctgca gtgggggttg 2100
tggggggcgc agatccacgc cttgctgccc ttctttcatg aagtctgttt tttaagtgtc 2160
ggttcccccg aatattttat gcagaggagg gaaaatttat agtggcaatt atttctcac 2220
agtctggtga gcaggcaatt aattaggagt aagggggcct agtagagcgt ggcgtgtggc 2280
agaatcgac cgccccggct ccccagccca ccgccatgca gggctcgcgt gcgggaaac 2340
taatatgccg gcgtttaagc ctgtgcccct ctgctgggtg taactgcgct gaaataaatg 2400
atctgacaat gtgaaaaaa 2419

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- (A) LÄNGE: 366 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

```

IASARLEEVT GKQLQVARNLI MRGTEMCPKS EDVWLEAARL QPGDTAKAVV AQAVRHL PQS 60
VRIYIRAAEL ETDIRAKKRV LRKALEHVPN SVRLWKAAVE LEEPEDARIM LSRAVECCPT 120
SVELWLALAR LETYENARKV LNKARENIP DRHIWITA AK LEEANGNTQM VEKIDRAIT 180
SLRANGVEIN REQWIQDAEE CDRAGSVATC QAVMRAVIGI GIEEEDRKHT WMEDADSCVA 240
HNALECARAI YAYALQVFPS KKS VWLRAAY FEKNHGTRES LEALLQRAVA HCPKAEVLWL 300
MGA KSKWLAG DVPAARSILA LAFQANPNSE EIWLAAVKLE SENDEYERAR RLLAKARTVP 360
PPPGCS 366

```

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```

tgggcacgcc cggcccgtao cccggccccc tgctgcgcgc gcccgaggcc ccgcccgtgg 60
agagcgcgga gccgctgggg cccggcgccg atctgtgggc cgacgtggac ctcaccgagt 120
togaccagta cctcaactgc agccggactc ggcccgaacg ccccgggctc ccgtaccacg 180
tggcaactggc caaactgggc ccgcgcgcga tgctctgccc agaggagagc agcctgatct 240
ccgcgctgtc ggacgccagc agcgcggtct attacagcgc gtgcattctc ggctaggccg 300
ccggcgccgc ccgggtccct gcagcgcttc ctccgcgacg ccccgcgacc gatccgaccg 360
cgctcgctgc gctctgctct ctcatagcgc tgtatgtttg gttccatgtc acagccccct 420
aggagccagt gatgctcggc cttgcgcgcg ttccacctcc caggccaccc ttccctgggct 480
tctggggccac ctgcctcggc ggggccccct cgagggtgac tggagtcccc acgtgtcccg 540
gggcttttcc aggaagcccg agcccaggac ctggtggcag agttgccagg gttacatttt 600
tgaagcacct gctccttttc ttgcagtgtt tttctacaa ccagattgta ttaatatatt 660
ttactttgct cttttaaaaa atatacctaa tacaatatat ttaattttta attaaactct 720
taaacttttc ttccaagaga aaggagc

```

747

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2419 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```

cttttgccac ccagtaccgg atagtggacc tgctggtgga agccgcgggg cccggccagg 60
gatcgctgca tggaaattct ggtggagcct gtccccaagg aagggttccg ggtacctcag 120
gccgagtggg gcagggcagt tctgctttat tcagcccctg catgagcggg tgctaaggcc 180
gggtggtctc ctggcctcgg gctgaggcct cttcccggct gtctgcccct ggccctgcgt 240
ggacctgcta agtggccccc agtggcagcg aggtcccgtg cccggggctg ggggtggaga 300
ccccgggctg agtgcctgtg ctttctggtg gggggcgatg gaaaacaggaa accaagcagt 360
gggatcgca cgttggttcc tgcgaggcga gtggcgggct ttctgtttct gccttgctcc 420
tccccacggt acctgggttc caggtgaaaa tgaaaggagg ggagaagtgt agaacagaac 480
attccataaa ggatatttcc taataggctg caagatgctg atgcccagaa tgatgatttt 540
ctttcctgca gatgaaacta tttagaaagg tottagattg tggcaggtag gctttggagc 600
aggcgcgcag acattttctg gcatgaggac gagctacagc agctcctggg gtggggctgc 660
ctgcgggatg gggggagagg atgcccctga gaaccgtcct cccagtgttg aaggcccttt 720

```

```

ttttttcttt cctgtaaaga aacatttctt ttgaacttga ttgcctatgg atcaaagaaa 1260
ttcagaacag cctgcctgtc ccccgccact ttttacatat atttgtttca tttctgcaga 1320
tggaaggttg acatgggttg ggtgtcccca tccagcgaga gagtttcaaa agcaaaacat 1380
ctctgcagtt tttcccaagt accctgagat acttcccaaa gcccttatgt ttaatcagcg 1440
atgtatataa gccagttcac ttagacaact ttacccttct tgtccaatgt acaggaagta 1500
gttctaaaaa aaatgcatat taatttcttc ccccaaagcc ggattcttaa ttctctgcaa 1560
cactttgagg acatttatga ttgtccctct gggccaatgc ttatacccag tgaggatgct 1620
gcagtgaggc tgtaaagtgg cccctgcgg ccttagcctg acccggagga aaggatggtg 1680
gattctgtta actcttgaag actccagtat gaaaatcagc atgccgcct agttacctac 1740
cggagagtta tcctgataaa ttaacctctc acagttagtg atcctgtcct tttaacacct 1800
tttttggtgg gttctctctg acctttcttc gtaaagtgtc ggggacctta agtgatttgc 1860
ctgtaatttt ggatgattaa aaaatgtgta tatatattag ctaattagaa atattctact 1920
tctctgttgt caaactgaaa ttcagagcaa gttcctgagt gcgtggatct gggctcttagt 1980
tctggttgat tcactcaaga gttcagtgtc catacgtatc tgctcatttt gacaaagtgc 2040
ctcatgcaac cgggccctct ctctgcggca gagtccttag tggaggggtt tacctggaac 2100
attagtagtt accacagaat acggaagagc aggtgactgt gctgtgcagc tctctaaatg 2160
ggaattctca ggtaggaagc aacagcttca gaaagagctc aaaataaatt ggaaatgtga 2220
atcgagctg tgggttttac caccgtctgt ctccagagtc caggaccttg agtgtcatta 2280
gttactttat tgaagggttt agacctatag cagctttgtc tctgtcacat cagcaatttc 2340
agaacaaaaa gggaggctct ctgtaggcac agagctgcac tatcacgagc ctttgttttt 2400
ctccacaaaag tatctaacia aaccaatgtg cagactgatt ggcttggtca ttggtctccg 2460
agagaggagg tttgcctgtg atttcctaata tatcgctagg gccaaaggtg gatttgtaaa 2520
gctttacaat aatcattctg gatagagtcc tgggaggtcc ttggcagaac tcagttaaat 2580
ctttgaagaa tatttgtagt tatcttagaa gatagcatgg gaggtgagga ttccaaaaaac 2640
attttatttt taaaatatcc tgtgtaacac ttggctcttg gtacctgtgg gtttagcatca 2700
agttctcccc agggtagaat tcaatcagag tccagtttg catttggtat tgtaaattac 2760
agtaatccca tttcccaaac ctaaaatctg tttttctcat cagactctga gtaactggtt 2820
gctgtgtcat aacttcatag atgcaggagg ctccaggtgat ctgtttgagg agagcaccct 2880
aggcagcctg cagggaataa catactggcc gttctgacct gttgccagca gatacacagg 2940
acatggatga aattcccgtt tcctctagtt tcttctgtga gtaactcctt tttagatcct 3000
aagtctctta caaaagcttt gaatactgtg aaaatgtttt acattccatt tcatttgtgt 3060
tggtttttta actgcatttt accagatgtt ttgatgttat cgcttatgtt aatagtaatt 3120
cccgtaagtg ttcattttat ttcatgctt tttcagccat gtatcaatat tcacttgact 3180
aaaatcactc aattaatcaa taaaaaaaaa aaaaaa 3216

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 747 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

```

ggatagatgc aggaagcgat ggtaagacc cattttcacc caactttctg ccgcagtcctg 300
gcttaccaca cgtccctccc cattcccagt gagccgcttt ttgcagcacc aggcgaacac 360
ttacaccagt gctttgtaaa ggaatcttat tgtccacccc gtgtcttggc aaaagaacag 420
tgatcacaca gattcctact tgggctcttt cctttaatct toggaggctg agtttgccca 480
actcaggttt aaccaccaag gactctgaga gctggcaggc ctgagtaacc ctggtaacaa 540
ttctcttcac cttatcaaaa cctgagctaa aaccaatgca tcagctgatg atgacagcag 600
agagtggcag ggctgaggac ccaaagtcct tcccaggct ggccggagaat aaactgccag 660
ggagaagaat gagaagacag gagacaaact gtttggaaaag ctaaatcttc cctcttaagt 720
aataaagggt tttgccttgt cttaaaaaat aacaggaaga agcagggaaa aataaataac 780
ttatggtaat ctggaattgt attttctaata attta 814

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3216 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

ttcggcaact ggtggaggga gcctcgggtg gctgtgggag cgggggggga cagtgcctccg 60
ggaacccggg gggtoacaca cagcactgc gcctgtcagt agtggacatt gtaatccagt 120
cggcttggtt ttgcagcatt ccgcctccct tccctccata gccacgctcc aaaccccagg 180
gtagccatgg ccgggtaaaag caaggccat tttagattagg aagggttttta agatccgcaa 240
tgtggagcag cagccactgc acaggaggag gtgacaaacc atttccaaca gcaacacagc 300
cactaaaaca caaaaagggg gattgggcgg aaagtggagag ccagcagcaa aaactacatt 360
ttgcaacttg ttggtgtgga tctattggct gatctatgcc tttcaactag aaaattctaa 420
tgattggcaa gtcacgttgt ttccaggctc agagtagttt ctttctgtct gctttaaatg 480
gaaacagact cataccacac ttacaattaa ggtcaagccc agaaagtgat aagtgcaggg 540
aggaaaagtg caagtccatt atgtaatagt gacagcaaag ggaccagggg agaggcattg 600
ccttctctgc ccacagtctt tccgtgtgat tgtctttgaa tctgaatcag ccagtctcag 660
atgccccaaa gtttcgggtt ctatgagccc ggggcattgat ctgatcccca agacatgttg 720
aggggcagcc tgtgcctgcc tttgtgtcag aaaaaggaaa ccacagtgag cctgagagag 780
acggcgattt tcgggctgag aaggcagtag ttttcaaaac acatagttaa aaaagaaaca 840
aatgaaaaaa attttagaac agtccagcaa attgctagtc aggggtgaatt gtgaaattgg 900
gtgaagagct taggattcta atctcatgtt ttttctttt cactttttta aaagaacaat 960
gacaaacacc cacttatctt tcaaggtttt aaaacagtct acattgagca tttgaaaggt 1020
gtgctagaac aaggctctct gatccgtccg aggcgtcttc ccagaggagc agctctcccc 1080
aggcatttgc caagggaggg ggatttccct ggtagtgtag ctgtgtggct ttccttctgt 1140
aagagtcctg ggttgcccta gaacctaaac ccccttagca aaactcacag agcttctcgt 1200

```

```

cgacctacca ggtgctggag tatggagagg ctgtggccca gtacaccttc aagggggacc 540
tggaggtgga gctgtccttc cgcaagggag agcacatctg cctgatccgc aaggtgaacg 600
agaactggta cgaggggacgc atcacgggca cggggcgcca aggcataatc cctgccagct 660
acgtgcaggt gtctcgtgaa ccccggtctc ggctctgtga cgacggcccc cagctcccca 720
cgtctccccg cctgaccgct gccgcccgtc cagcccgta cccagcgcc cctcagccc 780
tgcgagcccc agctgacccc accgacttgg ggggacagac ctcccccggt cgcactggct 840
tctccttccc caccagggag cctagacccc agaccagaa tcttggcacc cctggtccag 900
ctctgtccca ctctcgaggt cccagccatc cctggacct ggggacctcc tctcctaaca 960
cctctcagat acaactggacc ccgtaccggg cgatgtacca gtacaggccc cagaacgaag 1020
acgagctgga gctgcgcgag ggggacaggg tggatgtcat gcagcagtgt gacgatggct 1080
ggtttgtggg tgtctcccg aggacccaga aattcggaac gttccctgga aattacgttg 1140
ccccggtgtg agtgggtctc atggcaactt ggagccagcc aggatggggg ggggagcggg 1200
ggcactcgtg ggagggagag gacccccgcc cacatcctcc ttccccagga cctgagctcc 1260
cagcatctgc agacgacccc cgcagcattt cctcggacc cccctcgaag cccctggac 1320
tgattccca cccagactca caggcatttc tcccacagcc ctttcatttc ctccccaccc 1380
cactcccaaa atacagaggt ctgctttgaa gcggagacca tttccaggcc ttattgagac 1440
cagaccccaa gtccccacc cccatcctgc tccagcgttt cctctaacag ggaccagctc 1500
tccgctttgc ccccacggg ttctctaac cagaaccagc ttctagcct cgtagagacc 1560
aaaggcggcc cccgcctgct ggggttcctc ccagacccc agcttgctgg ctgccctctt 1620
tgcttctggt cctccagctg ggtgtggggg ggcggaaca ggggggaca gacgcagcac 1680
cttcttagcg atctaggctt ggcaagagct ctggcccaa ggcctcctct tcccaggggc 1740
tgccaagtcc tggccctggt cctggcatat caccgcgac tgtggggcca ggcaccacta 1800
gctgggtcca aatattccc agggagactg ctgtgtgctg cccgcctgcc tgctggctct 1860
ccccagccc cacatccct ctggaagaga atgtaaaata aacctggaca caagggaag 1920
aaaaaataag attggggggg aggaaaaaaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 814 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

cgggggcgag cggggcctgc gcggtagtgg gacccgaccc tgtctccagt gggcgtcttg 60
ggccccggct ctattctggg ctgcgggctt gggaagggct cgcgggtgac caaatgagct 120
gtcctaactc tgccgggctg cagcttccctg catgatgctg gggagcttgg cgctgaccc 180
aggatctaga aggcactctg ggcaggccgc gctccgccc cgaaggtaac caacctctg 240

```

```

ctcccccttc ttttttgtct caagattata ttataataat gttctctggg taggtgttga 1740
aaatgagcct gtaatectca gctgacacat aatttgaatg gtgcagaaaa aaaaaaagaa 1800
accgtaattt tattattaga ttctccaaat gatttttcac aatttataat cattcaatat 1860
ctgacagtta ctcttcagtt ttaggottac cttggtcatg cttcagttgt acttcagtg 1920
cgtctctttt gttcctggct ttgacatgaa aagataggtt tgagttcaaa ttttgcattg 1980
tgtgagcttc tacagatttt agacaaggac cgtttttact aagtaaaagg gtggagaggt 2040
tcctgggggtg gattcctaag cagtgcctgt aaaccatcgc gtgcaatgag ccagatggag 2100
taccatgagg gttgctattt gttgttttta acaactaatc aagagtgagt gaacaactat 2160
ttataaacta gatctctat ttttcagaat gctctctac gtataaatat gaaatgataa 2220
agatgtcaaa tatctcagag gctatagctg ggaaccogac tgtgaaagta tgtgatctc 2280
gaacacatac tagaaagctc tgcattgtgt ttgtccttca gcataattcg gaagggaata 2340
cagtcgatca agggatgtat tgggaacatg cggagtagaa attgttctct atgtgccaga 2400
acttcgacct tttctctgag agagatgac gtgcctataa atagtaggac caatgttgtg 2460
attaacatca tcaggcttgg aatgaattct ctctaaaaat aaaatgatgt atgatttgtt 2520
gttggcatcc cctttattaa ttcattaaat ttctggattt ggggtgtgac ccagggtgca 2580
ttaacttaaa agattcaacta aagcagcaca tagcactggg aactctggct ccgaaaaact 2640
ttgttatata tatcaaggat gttctggctt tacattttat ttattagctg taaatacatg 2700
tgtggatgtg taaatggagc ttgtacatat tggaaaggct attgtggcta totgcattta 2760
taaattgtgt gtgctaactg tatgtgtctt tatcagtgat ggtctcacag agccaaactc 2820
ctcttatgaa atgggcttta acaaaacaag aaagaaacgt acttaactgt gtgaagaaat 2880
ggaatcagct ttaataaaaa ttgacaacat tttattacca caaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2939

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1950 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

ggggctggcg gcoctgattg cgcggtttcc ccgcgcagag ctgcgcggcg ccccgacggg 60
ccccggagca gcgccccccg gccggccccg cctcagcctg gagctccagc taccacatg 120
caccttacct gggttcgcgc cggctccctg gtccccacaa aatggctgat ggaggaagcc 180
ccttccatag tggaggggac tttgtctacc cttcctcaac ccgagaccct agtgcctcta 240
acggaggggg cagcccagcc agggagggaag agaagaagag aaaggccgcc aggcctcaagt 300
ttgacttcca gggcgcagtc cccaaggagc tgactctgca gaagggtgac attgtctaca 360
tcacaaagga ggtggacaag aactggcttg agggagagca ccacggccgc ctgggcctct 420
tcctgtctaa ttatgtggag gtgtgtcccc cagatgagat cctaagccc atcaagcccc 480

```

```

aatgtttgtc accaagttat ataaatccac atctctgtaa acaacctttt ttaagtaatt 1200
ttaaaaaaaaa taaacactct gcttactact tgaaaaaaaa aaaaaa 1246

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2939 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

```

gtccatctct tgggatacag ccttgagacc catgctgctg gcattgcagg aagtctgacc 60
aataagaaag ttcaacagaa ttactggcct cgatccagct ggacctaaact ttgagtatgc 120
agaagccccc agtcgtcttt ctctgatga tgcagatttt gtagacgtct tacacacatt 180
caccagaggg tcccctggtc gaagcattgg aatccagaaa ccagttgggc atgttgacat 240
ttaccogaat ggaggtactt ttcagccagg atgtaacatt ggagaagcta tccgcgtgat 300
tgcagagaga ggacttggag atgtggacca gctagtgaag tgctccacg agcgtccat 360
tcctctcttc atcgactctc tgttgaatga agaaaatcca agtaaggcct acaggtgcag 420
ttccaaggaa gcctttgaga aagggtctctg cttgagttgt agaaagaacc gctgcaacaa 480
tctgggctat gagatcaata aagtcagagc caaaagaagc agcaaaatgt acctgaagac 540
tcgttctcag atgccttaca aagtcctcca ttaccaagta aagattcatt tttctgggac 600
tgagagtga acccatacca atcaggcctt tgagatttct ctgtatggca ccgtggccga 660
gagtgagaac atcccattca ctctgcctga agtttccaca aataagacct actccttct 720
aatttacaca gaggtagata ttggagaact actcatgttg aagctcaaat ggaagagtga 780
ttcatacttt agctggtcag actggtggag cagtcccgcc ttcgccattc agaagatcag 840
agtaaaagca ggagagactc agaaaaaggt gatcttctgt tctagggaga aagtgtctca 900
tttgacagaa ggaaaggcac ctgcggtatt tgtgaaatgc catgacaagt ctctgaataa 960
gaagtcaggc tgaaactggg cgaatctaca gaacaaagaa cggcatgtga attctgtgaa 1020
gaatgaagtg gaggaagtaa cttttacaaa acataccagc tgtttggggg gtttcaaaag 1080
tggattttcc tgaattttta tcccagccct acccttgta gttattttag gagacagtct 1140
caagcactaa aaagtggcta attcaattta tggggtatag tggccaaata gcacatcctc 1200
caacgttaaa agacagtgga tcatgaaaag tgctgttttg tcccttgaga aagaaataat 1260
tgtttgagcg cagagtaaaa taaggctcct tcatgtggcg tattgggcca tagcctataa 1320
ttgggttagaa cctcctatct taattggaat tctggatctt tcggactgag gccttctcaa 1380
actttactct aagtcctcaa gaatacagaa aatgcttttc cgcggcacga atcagactca 1440
tctacacagc agtatgaatg atgttttaga atgattccct cttgctattg gaatgtggtc 1500
cagacgtcaa ccaggaacat gtaacttggg gagggacgaa gaaagggctc gataaacaca 1560
gaggttttta acagtcccta ccattggcct gcatcatgac aaagttacaa attcaaggag 1620
atataaaatc tagatcaatt aattcttaat aggccttata gtttattgct taatccctct 1680

```

```

cagactttat aaatgagata tctacaaggc acttaaagtg ttacagatgt tttaccttaa 1920
gaattattta agttgtgttg ggttaagaca gttttcagtg taccgtaaat gttgtgtttt 1980
cagaaaaaga caaaacgatg gtgctgactg gttttctgta tattgcacaa cagtcctcaa 2040
atacactgat gtatgaaact attcatacat caagcagcat ttttttctact ctcttagaa 2100
ttggaactat gcagttaagg cagataaaaat gtacagatgt ttcataatatt acaggttaca 2160
tatataaatc aaaatttctt atataaaaact gatttgggat ttgggggtgga aatattttga 2220
atattaactt attttttaag atgcaagata ggactttgtg caatgtattt ttgtaaatgc 2280
ttttcaaaat atctgtcttt ggtagtgttt ctgctgctgc caccaaaattg ataagatgct 2340
attaagaggt ttaataaaag agttttaatt tttaaaaggg aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2400
aaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```

actaagattt tatgttggag atacttcttt aaataaccta cagcttgggt ctatggcttg 60
tgacccccag attcàtggag gggcttttagc aatcagcttt gtacatcatc atttttctga 120
atgaccaatc ccactaaaca tttttgaagt cggcctagag aggtccttca gatgattcag 180
aaatagctgg cttgtctgag tccagatttc tcatcaactg gcaatacaaa ggaaaaatatg 240
gtacaggagt tagttagaaa ggtcttattg attttacttc tacttttcac tacagttaca 300
ggtagaatac tgttaggaagt cagtgaagg tgcatgcttg attgatagat attgattgtt 360
tttcagttctc tggggtcagt tttgtggttt ctgctttctt gcctaaatca aagactattt 420
caagtcaaca acactgaaaa ctgctttttcg cctccactct tacagctgtg cctaataata 480
attaattaat aaacgcacag cctatgttga acagacagga atttcttgtg caatgtggag 540
caaatggaat ggtctctctc cgcaggtctt tttaatctc atactgtggag tacaagggtta 600
gacctctggc ttaccacata cactatgcta aagtcacag ccactgctac tacatcttgc 660
cagaagggtt cctcgcocaa caaacagttg aaatttaagg gaagaagcaa aagctaaaact 720
gtctttgacc ctaagataga tagaaagcta tttatttgtc ttcagtgttc aaggcatgac 780
tagtatttct aattagccta ataaattccc acactttctg aagtgaacac taatgggtatt 840
gtcctactaa aactgtcat ttttcttttt ttttaactgg tcagtcatto acaataagct 900
atgagggtaa ataaatatgt gttataacaa gtaaacctga gttgcaagaa tataccatga 960
agattaaagt aggtctgggt tcatctccat ctccacacac atctcattga atttgatggt 1020
tgacttaatt ggcaccataa ctttgtatga tattatacat taacctttat ttatgtaaag 1080
taaaatgctt tatatattaa agagtaagtg caataatatg aaatagcctg tacattttta 1140

```



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2403 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

tgaaactcct	gttttccgaa	gatcagcaag	gcggttctct	ggaacagctg	ctgcagaggt	60
tctcatcaca	gtttgtgagc	aaaggcgact	tgcagacgat	gctgagagac	ctgcagctgc	120
agatcctgcg	gaacgtcacc	caccacgttt	ccgtgaccaa	gcagctccca	acctcagaag	180
ccgtggtgtc	tgctgtgagc	gaggcggggg	cgtctggaat	aacagaggcg	caagcacgtg	240
ccatcgtgaa	cagcgccttg	aagctgtatt	ccaagataa	gaccgggatg	gtggactttg	300
ctctggaatc	tgggtggtgg	agcatcttga	gtactcgctg	ttctgaaact	tacgaaacca	360
aaacggcgct	gatgagtctg	tttgggatcc	cgctgtggta	cttctcgag	tccccgcgcg	420
tggatcatcc	gactgacatt	taccccggtg	actgctgggc	atttaaaggc	tcccaggggt	480
acctggtggt	gaggctctcc	atgatgatcc	acccagccgc	cttcaactctg	gagcacatcc	540
ctaagacgct	gtcgccaaca	ggcaacatca	gcagcgcccc	caaggacttc	gccgtctatg	600
gattagaaaa	tgagtatcag	gaagaagggc	agcttctggg	acagttcacg	tatgatcagg	660
atggggagtc	gctccagatg	ttccaggccc	tgaaaagacc	cgacgacaca	gctttccaaa	720
tagtggaact	tgggattttt	totaactggg	gccatcctga	gtatacctgt	ctgtatcggg	780
tcagagttca	tggcgaaact	gtcaagtga	gacactactc	attatttttg	tacatttttg	840
tataactggg	gacagcgtga	aacactggaa	tccttcatgg	acgagggcac	atacaatgat	900
gggacagtgc	cacactcctt	caataaacgt	ggctgctggc	cagaggacgt	gagcgtgtga	960
cgggcgcctt	ggcgccacct	gttgggtgct	cactgcctct	gcaggtgcag	aggggtcagc	1020
agcaggagaa	gcgtgttgaa	cacgtggctc	tcagacactc	cttgttttta	acgggaagct	1080
ctttgcattt	gcattttcctc	aacaaaggag	caaagcagag	gaagctgaga	gtctggcgtg	1140
ttcttgacgc	tttgggtctc	agccttgcac	tggctcttct	aaaggacttt	tggaggcag	1200
ataatttcat	ctgttaaatc	caacacacat	ttctttcagg	gaaaaacaat	gtcaccaaat	1260
tttcagagtt	ctaaactcct	ttccttcaag	cgggaatttt	ccttttttca	gcaccagtag	1320
gtactaagtc	tccagatggg	gaaataacta	aaatgtgttt	ttctgctttg	ttcgctctta	1380
cttctgagga	aggtttccag	tcaggactcg	ctgtaccaat	atccatggag	gaatatggga	1440
gcgtttcgct	ctccttgtag	gctgaagtea	gtctgacttg	aaggggcctg	gtttggatct	1500
aagcaaacac	ccagatgggg	ttctctggtc	tcagcaaggc	ttttcctggt	gggagtcaca	1560
gtaaacagaa	acccaaaaat	ctcatcttgg	gtgttttcag	ggcttggttt	gagttttgct	1620
gaatggggag	cgcaagacgc	cctgagcctc	cctctcactg	gtggtgataa	gaggagccgt	1680
ctggtgtgtc	agggtcacga	acccgttaca	tttcaggacg	atcctttttc	cttcagcagc	1740
atttcttact	ggctgtgggt	ggaatctgcc	ttttatcaca	gctgtcacca	ttctcacgtg	1800
attcttgtga	gactcttttt	ggttataatt	actattttaat	atttagacta	ttttactgag	1860

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1823 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

gtcaggataa	cottaaggat	agatgaaggg	ttgagagcct	gtgcctcatt	tctgagttct	60
cagctgctat	gocgtggaaa	tctgttttac	tttctgcac	tgctcctgca	agactctgga	120
gccagtcttg	aggtoctaca	tctccgaaa	caagctcttc	tagaagttga	tagctttcca	180
atgattagac	gaattgattc	tttctgtgac	tcctcagttc	atttctctga	aaattcatgt	240
cttgctgttg	atttgtgaat	aagaaccaga	gcttgttaga	accacttta	tcatatccag	300
gagtttgcaa	gaaacagggtg	cttaacacta	attcacctcc	tgaacaagaa	aaatgggctg	360
tgaccggaac	tgtgggctca	tcgctggggc	tgtcattggt	gctgtcctgg	ctgtgtttgg	420
aggtattcta	atgccagttg	gagacctgct	tatccagaag	acaattaaaa	agcaagttgt	480
cctcgaagaa	ggtacaattg	cttttaaaaa	ttgggttaaa	acaggcacag	aagtttacag	540
acagtttttg	atctttgatg	tgcaaaatcc	acagggaagt	atgatgaaca	gcagcaacat	600
tcaagtttaag	caaagagggtc	cttatacgta	cagagtctgt	tttctagcca	aggaaaatgt	660
aaccacaggac	gctgaggaca	acacagttct	tttctgcag	cccaatgggt	ccatcttcga	720
accttcaacta	tcagttggaa	cagaggctga	caacttcaca	gttctcaatc	tggtctgtggc	780
agctgcctcc	catatctatc	aaaatcaatt	tgttcaaatg	atcctcaatt	cacttattaa	840
caagtcaaaa	tcttctatgt	tccaagtcag	aactttgaga	gaactgttat	ggggctatag	900
ggatccattt	ttgagtttg	ttccgtaccc	tgttactacc	acagttgggtc	tgttttatcc	960
ttacaacaat	actgcagatg	gagtttataa	agttttcaat	ggaaaagata	acataagtaa	1020
agttgccata	atcgacacat	ataaaggtaa	aagggaatctg	tcctattggg	aaagtcactg	1080
cgacatgatt	aatgggtacag	atgcagcctc	atttccacct	tttgttgaga	aaagccaggt	1140
attgcagttc	ttttctcttg	atatttgcag	gtcaatctat	gctgtatttg	aatccgacgt	1200
taatctgaaa	ggaatccctg	tgtatagatt	tgttcttcca	tccaaggcct	ttgcctctcc	1260
agttgaaaac	ccagacaact	attgtttctg	cacagaaaaa	attatctcaa	aaaattgtac	1320
atcatatggt	gtgctagaca	tcagcaaatg	caaagaaggg	agacctgtgt	acattttcact	1380
tctctatttt	ctgtatgcaa	gtcctgatgt	ttcagaacct	attgatggat	taaaacccaaa	1440
tgaagaagaa	cataggacat	acttgatata	tgaacctata	actggattca	ctttacaatt	1500
tgcaaaacgg	ctgcagggtc	acctattggt	caagccatca	gaaaaaattc	agtgaagtctc	1560
ttgaaaatgg	gtattttgat	atgatctgta	gtatcgtagt	atotttctgt	aaggacatga	1620
gtaaatctat	gtaagtaagt	gggaataaca	tctgggtatca	acttatcttt	agcttaatgt	1680
caccaatcag	tattaaatgc	ttatgactaa	tttcacagat	tttggaatgg	ttttatgggt	1740
ttatttgagc	atttgatagc	atctctgatt	ttgttagctg	cgcaaatatt	totatgacaa	1800
taattaattt	ttggaattca	tat				1823

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

agcttgccaa	ttctgtaact	ccttgggata	tcttgctgag	cttaattgca	gctgccactc	60
atgatctgga	tcctccaggt	gttaatccaac	ctttccttat	taaaactaac	cattacttgg	120
caactttata	caagaatacc	tcagtactgg	aaaatcacca	ctggagatct	gcagtgggct	180
tattgagaga	atcaggctta	ttctcacatc	tgccattaga	aagcaggcaa	caaatggaga	240
cacagatagg	tgctctgata	ctagccacag	acatcagtcg	ccagaatgag	tatctgtctt	300
tgtttaggtc	ccatttggat	agaggtgatt	tatgcctaga	agacaccaga	cacagacatt	360
tggttttaca	gatggctttg	aaatgtgctg	atatttghta	cccatgtcgg	acgtgggaat	420
taagcaagca	gtggagtga	aaagtaacgg	aggaattctt	ccatcaagga	gatataaaaa	480
aaaaatatca	tttgggtgtg	agtccacttt	gcgatcgtca	cactgaatct	attgccaaca	540
tccagattgg	ttttatgact	tacctagtgg	agcctttatt	tacagaatgg	gccaggtttt	600
ccaatacaag	gctatcccag	acaatgcttg	gacacgtggg	gctgaataaa	gccagctgga	660
agggactgca	gagagaacag	tcgagcagtg	aggacactga	tgctgcattt	gagttgaact	720
cacagttatt	acctcaggaa	aatcggttat	cataaccccc	agaaccagt	ggacaaactg	780
cctcctggag	gttttttagaa	atgtgaaatg	gggtcttgag	gtgagagaac	ttaactcttg	840
actgccaagg	tttccaagt	agtgatgcca	gccagcatta	tttattttcca	agatttcttc	900
tggttgatca	tttgaaccca	cttgtaatt	gcaagaccg	aacatacagc	aatatgaatt	960
tggttttcat	gtgaaacctt	gaatatgcaa	agcccagcag	gagagaatcc	gaaaggagta	1020
acaaagggaag	ttttgatatg	tgccacgact	ttttcaaagc	atctaattctt	caaaacgtga	1080
aacttgaatt	gttcagcaac	aatctcttgg	aatttaacca	gtctgatgca	acaatgtgta	1140
tcttgtaact	tccactaagt	tctctctgag	aaaatggaaa	tgtgaagtgc	ccagcctctg	1200
ctgcctctgg	caagacaatg	tttacaatc	aactctgaaa	atattggttc	taaattgcct	1260
tgagagcatga	ttgtgaagga	accactcaaa	caaatttaaa	gatcaaaactt	tagactgcag	1320
ctctttcccc	ctggtttgcc	ttttctctt	ttggatgcca	ccaaagcctc	ccatttgcta	1380
tagttttatt	tcattgactg	gaaactgagc	atttatcgta	gagtaccgcc	aagctttcac	1440
tccagtgccg	tttggcaatg	caattttttt	tagcaattag	tttttaattt	gggtggggag	1500
gggaagaaca	ccaatgtcct	agctgtatta	tgattctgca	gtgaagacat	tgcatgttgt	1560
tttactact	gtacacttga	cctgcacatg	cgagaaaaag	gtggaatggt	taaaacacca	1620
taatcagctc	agggtatttg	ccaatctgaa	ataaaaagtgg	gatgggagag	tgtgtccttc	1680
agatcaaggg	tactaaagtc	cctttcgtctg	cagtgaagtga	gaggtatggt	gtgtgtgaat	1740
gtacggatgt	gtgtttgcgt	gcattgttgt	gcattgtgtga	ctgtgcatgt	tatgtttctc	1800
catgtgggca	aagatttgaa	atgtaagctt	ttatttatta	ttttagaatg	tgacataatg	1860
agcagccaca	ctcgggggag	gggaagggtt	gtaggtaagc	tgtaacagat	tgctccagtt	1920
gccttaaaact	atgcacatag	ctaagtgacc	aaacttcttg	ttttgatttg	aaaaaagtgc	1980
attgttttct	tgctccctccc	tttgatgaaa	cgttaccctt	tgacgggcct	tttgatgtga	2040
acagatgttt	tctaggacaa	actataagga	ctaattttta	acttcaaaaca	ttccactttt	2100
gtaatttgtt	ttaaattgtt	ttatgtatag	taagcacaac	tgtaattctag	ttttaagaga	2160
aaccgggtgt	ttcttttagt	tcatttgtat	ttcccttggt	actgtaaaaa	actgttttatt	2220
aattgtttac	agttttgtgc	aacagccatt	ttcttgggag	aaagcttgag	tgtaaaagcca	2280
tttgtaaaaag	gctttgccat	actcatttta	atatgtgcct	gttgctgtta	actttttgatg	2340
aataaaaacc	tatcttttca	taaaaaaaaa	aaaaa			2375

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1071 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

attccaaaca tggcgggtcc actagggggg atgtttttctg ggcagccacc cgggtccccc 60
caggcccccgc cgggccttcc gggccaagct tcgcttcttc aggcagctcc aggcgctcct 120
agacotttcca gcagtacttt ggtggacgag ttggagtcac ctttcgaggc ttgctttgca 180
tctctgggtga gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaaattcg aaccgggtgt 240
gatcagtgta tccagaagtt tctggatatt gcaagacaga cagaatgttt tttcttacia 300
aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa 360
ctaaggaatg aattacacgcg gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aaagctgagg 420
cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagccgcg cgacatccct 480
cagggtcctt tggcctacct ggagcaggca tctgccaca tccctgcacc tctgaagcca 540
acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtgggc tgatgcgtga ggttggccac 600
acattccttc ctgtggactt gacatttttg aagaactctt tgccagataa tgagttcatt 660
ttagttttat gctcccattg aaaaattttc cactattttt ataagctgtt aattttcttga 720
gtactttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtattttttt tttgtcttta 780
gcgaagttaa gactgtgaat atgatgacac agattctttt ttatgggtggc tttgcttggt 840
ttaaattttt gcatgacttt tcatcttttt atgtgtgttt cctgtagttt gatccgaagg 900
aaaagagtat agtagcctga gaatcaggag atgggagttt tagtcgtagg ccttatgata 960
attaccccg cgtgggtgtg agaaaagtat gtaaatgtgc tctgttttaa gactttgaac 1020
tacctcaaga agaggaatct aatacaatat ttgtaatgtt tccagaaaaa a 1071

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2375 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

cgccccgcgc	cgccccgcgc	ctgtcagctc	cctcagcgtc	cgcccgaggc	gcggtgtatg	60
ctgagccgct	gccgcagccg	gctgctccac	gtcctgggce	ttagcttcct	gctgcagacc	120
cgccggccga	ttctcctctg	ctctccacgt	ctcatgaagc	cgctggctcg	gttcgtcctc	180
ggcggccccg	gcgcgggcaa	ggggacccag	tgccgccgca	tcgtcgagaa	atatggctac	240
acacaccttt	ctgcaggaga	gctgcttcgt	gatgaaagga	agaacccaga	ttcacagtat	300
ggtgaactta	ttgaaaagta	cattaaagaa	ggaaagattg	taccagttga	gataaccatc	360
agttttattaa	agaggggaaat	ggatcagaca	atggctgcca	atgctcagaa	gaataaattc	420
ttgattgatg	ggtttccaag	aaatcaagac	aaccttcaag	gatggaacaa	gaccatggat	480
gggaaggcag	atgtatcttt	cgttctcttt	tttgactgta	ataatgagat	ttgtattgaa	540
cgatgtcttg	agaggggaaa	gagtagtggt	aggagtgatg	acaacagaga	gagcttggaa	600
aagagaatttc	agacctacct	tcagtcacaa	aagccaatta	ttgacttata	tgaagaaatg	660
gggaaaagtca	agaaaaataga	tgcttctaaa	tctgttgatg	aagtttttga	tgaagttgtg	720
cagattttttg	acaaggaagg	ctaattctaa	acctgaaagc	atccttgaaa	tcattgcttga	780
atattgcttt	gatagctgct	atcatgacct	ctttttaagg	caattctaat	ctttcataac	840
tacatctcaa	ttagtggctg	gaaagtacat	ggtaaaacaa	agtaaaatttt	tttatgttct	900
tttttttgggt	cacaggagta	gacagtgaat	tcagggtttta	cttcacctta	gttatgggtgc	960
tcaccaaacg	aagggtatca	gctatttttt	tttaaattca	aaaagaatat	ccctttttata	1020
gctttgtgct	tctgtgagca	aaacttttta	gtacgcgtat	atatccctct	agtaatcaca	1080
acatttttagg	atttagggat	acctgcttcc	tctttttctt	gcaagtttta	aatttccaac	1140
cttaagttaa	tttgtggacc	aaattttcaaa	ggaacttttt	gtgtagtcag	ttcttgcaca	1200
atgtgttttg	taaacaaact	caaaatggat	tcttaggagc	attttagtgt	ttattaaata	1260
actgaccatt	tgctgtagaa	agatgagaaa	acttaagctt	tgttttacta	caacttgtac	1320
aaagtgtgat	gacagggcat	attcttttgc	tccaagattt	gggttggggg	cactaggggt	1380
tcagagcctg	gcagaattgt	cagcttttag	ctgacataat	ctaagggtat	ggggcaaggga	1440
tcacatctaa	tgcttgtgtt	ccttataact	tattatatag	tgttattcat	gattcagctg	1500
atcttaacaa	aattcgtagc	agtggaaact	tgaatatgcat	gtggctagat	ttatgctaaa	1560
atgattctca	gttagcattt	tagtaaacact	tcaaagggtt	ttttttgttt	gttttctaga	1620
cttaataaaaa	gcttaggatt	aattagaaga	agcaatctag	ttaaatttcc	catttgtatt	1680
ttatttttctt	gaatactttt	ttcatagtta	tttgttttaa	aagattttaa	aatcattgca	1740
ctttgggtcag	aaaaataata	aatatatctt	ataaatgttt	gattcccttc	cttgctatatt	1800
ttattcagta	gattttttgt	tggcatcatg	ttgaagcacc	gaaagataaa	tgatttttaa	1860
aaggctatag	agtcacaaag	aatattcttt	tacaccaatt	cttcctttta	aaatctctga	1920
ggaattttgtt	ttcgctttac	ttttttttct	tctgtcacia	tgctaagtgg	tatccgaggt	1980
tcttaatatg	agattttaaaa	tcttaaaatg	ttctttattt	tcagcactta	catcatttgg	2040
tacacaggggt	caaatatggg	aaataatttt	gtctttgtat	aatagatttg	atattttaag	2100
tcactggaaa	taggacaagt	taatggatgt	ttttatatatt	taatagaatc	atttatttct	2160
atgtgttatg	aaattcactt	aatgataaat	ttttcaacat	acttgccatt	agaaaaacaaa	2220
gtattgctaa	gtactataac	atattggcca	ctaaaattca	tattgagatt	atcttggttt	2280
cttggaagag	ataggaatga	gttcttatct	agtgtttgcag	gccagcaaat	acagaggtgg	2340
tttaatcaaa	cagctctagt	atgaagcaag	agtaaaagact	aaggtttcga	gagcattcct	2400
actcacataa	gtgaagaaat	ctgtcagata	ggaactctaaa	tattttatagt	gagatttgtga	2460
aagcaacctt	aaagttttga	agaagactga	tgagactagg	tgctttgctt	cctttcatca	2520
ggtatctttc	tgtggcattt	gagaacagaa	accaagaaac	atggtaatta	ctaaattatg	2580
aggctttgct	ttttgtttgc	ttttaagtag	aaaaacatgt	tggcaacatt	gagttttgga	2640
gttgattgag	ataatatgac	ttaactagtt	ttgtcattcc	atttggttaa	gatacagtoa	2700
ccaagaatgt	tttgagtttt	ttgaaagacc	ccaattttaag	cottgcttat	ttttaaatta	2760
tttccattca	gtgatgttgg	atgtatatca	attatttagt	aaataatctc	aataaaatttt	2820
gtgctgtggc	ctttgctaaa	aaaaaaaaaa	t			2851

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

ccgcggggct  gggggagctc  ggggagcctg  cgggaccggg  ggagcccga  ggccaggggg  60
atccccgggc  ggcgccaggg  aggcggagga  gcaggcgggt  gaggcgaggc  aggaagagga  120
gcaggacttg  gatggtgaga  aggggccatc  atcgggaagg  cctgaggagg  ggggacggag  180
aaggcttctc  cttcaaatac  agccccggga  agctgagggg  aaaccagtac  aagaagatga  240
tgaccaaaga  ggagctggag  gaggagcaga  gaactgaaga  ataacgaagt  tatccttagc  300
gtcctcctaa  aggccttttc  ttttggcatc  ttaaaagcct  gagagataaa  acggaacccc  360
cagagaggag  tctgggcagg  ctcccagggt  gcatgctgcc  tccataaatc  tgctgagctc  420
tagaccctca  atcaggactt  gtcccttggc  tagcaggatc  ctgggaacac  ctttggccct  480
gccctgtgta  gagatgttca  tgtctgttcc  tgtgggtcac  tttgttaagc  tgaagagttt  540
taagaggtag  agctcagacc  ctggactggg  attttcttta  ccactcaaac  ttgctatcca  600
cacaccctgc  acaccttaga  taaaaagaac  attttaaaag  cagagttcac  tttcactcca  660
gtctccctc  ttttggccct  actgaagcca  aaccacagaa  gactttgagg  aatgagagac  720
aaatgaggta  gagctcacct  gtgctcacca  gctccgtcag  ggtggtcagc  cgaccctttt  780
ccctgggaac  cccacttctc  tctgtggctg  gcttggttgt  cgggggtgag  atgccatatt  840
gattacaggg  cagcaaagaa  ccagtaccag  gaatttactt  gaccattccc  cttatttttc  900
atctagagga  atctcggatt  cagccctttc  attgctaaga  caccttttca  ctgaggttct  960
taccagctca  gccaaatctc  cactctgcta  tagcagaagc  aataatgttt  gctttaaaaa  1020
gatttcttga  cctatgcctt  ttcttagaaa  gtttgataga  ttagttagaa  cttcagatca  1080
tcagatcagt  ctcaaattgg  tttcttggaa  ttttatattt  gacaatattt  atactatacc  1140
aaactcatct  gcagttctta  ggtttgttgg  ttaaaacatt  tttttaaagc  agtaagttta  1200
tagaaaaatg  tttcatttaa  tggaaggctg  gggaatgtcc  agcatcaacc  cctatggcat  1260
gcattccacg  ttgccttctc  atctgggctt  ggaacctttg  gttcagggct  taggggagaa  1320
caggccacat  ggcaacagcc  acacagtcac  tgccctcaac  acagagccac  gtgtcccca  1380
acagcaatag  tcatgcctt  gtccaggtcg  ggatctaatt  gatacaatag  gtcgttgact  1440
ccctcctagt  agagctatct  aggtttgtct  ggaaagtttc  cgaccctggc  ttataggcac  1500
cacacctcat  gtactcctca  tggtttggat  ctctgtatct  agcctttgtt  cagtccaata  1560
aactttgagt  agatgatctc  aaaaaaaaaa  aaaaaaaaaa  gggagaaggg  aagaaggaga  1620
gggcacaaag  gcggaatggg  ggtgagcttt  1650

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2851 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

cataatagtt	aactctactt	actgtttttaa	catacatttg	atttaacaaa	ttgttcagca	60
taacacttct	aattaagttt	atcaagttgt	actgtattag	ataatcagca	gtgtatctgg	120
agtatgttta	aagagaacag	ttcgcaatac	aaaaagttac	atggagcttt	acatcttaac	180
tttctttgtc	aatttaaagt	caatgtataa	aaagtttatt	ttgctattgt	gaaaaactaa	240
atgtaaagga	aatcacctac	tttcatgcag	gtgtataatc	ttgaaaagga	aaaatgcttc	300
catgttgaag	ccagattttc	tgtagtaaaa	cttttaataa	ttatttttaa	agaaatatgt	360
atataaatat	ctctatattc	tttggaatga	tactaaagtc	tctgggtctag	gaccatacct	420
tatataaagg	tataagagac	catgacaatg	tctgaaaatg	gaatagataa	tgatgccttt	480
tatttaaagt	ggccccacata	atatacattg	agtactccat	ctctccaaat	gtatttccat	540
aatgtgttga	aaacatgcta	acatttgtat	gatttttata	cttctgccga	atagacttag	600
aatcagatga	attgtctgtg	tgtcttgcaa	aagagtggg	gacaacttgg	gcaggcctat	660
gaagtgcata	gggagtgtat	gtcttttgaa	tggttttatt	gttcttgtaa	tctagcttaa	720
agaaatgtta	actgggaggg	tgtctgaggc	actcactgca	ttaattttgt	gtgttttagag	780
ttctgttgtc	aaaagaaaac	taatgaataa	attagtttgt	cattctagaa	tttaaagttc	840
taagattagt	ataaagagta	tatagattgt	taatccccac	cagctagact	ttgaacttaa	900
gtcagactta	aagattttgag	aaattatttt	tgtcattttac	tagacgtgat	ttttagtctt	960
gttttgattat	atttctacta	caaacttctt	atttaacagg	atagcctact	aaattaaatg	1020
tttcttattt	cactttaactc	atttgattaa	actgtattct	aaaacatttg	gggtttttcc	1080
ccctattcag	ttttaatctt	ggaatatgca	tttgtaaaat	gtgatgtcat	tgagactata	1140
tttatatttg	acttggaac	attaacatgt	cctaagactt	agtgcagaga	agcttggcag	1200
tacgttcttt	gacttaagga	tggcataaaa	taatcatttt	tgaacctgtg	taataaagct	1260
tgaaagcagg	gaaaagaatt	tccttttccc	ccttttttgt	gttgtctata	ggaattaact	1320
tgggattgtt	ttgtgggttt	ttgtttgttt	taaagttaaa	ttgagaatct	tttataagaa	1380
ataaaaagcat	tattgggtgc	ctttgtttgt	aaacccaaaa	gtaataaatg	aatccctata	1440
tttccattat	agtattttat	gtatttttat	gttctgaaaa	ttacctatgg	aacaatatgc	1500
ttaggattac	aggaagcagt	ccttactttac	acttctgtgc	tgtttttaggt	gtacttgtaa	1560
attcttatgt	cctaattttta	tttaattctg	agttcctttac	acagcatttt	agggaaagaa	1620
tacaggcagg	atgacacttt	gtgttaaatg	gttattttta	tgtattacct	ggaatgaggc	1680
agggtttttt	ctgttttcta	aaaagagtaa	ccaagatacc	tccaggggtg	cattgggttc	1740
cagctgctct	cctccacatt	gaatgatata	ttgttaattt	ataggcacat	ttgtggtaat	1800
ttatatgtct	atagagtaag	tataagagat	aattcattag	taataggaat	taactgaccc	1860
cttttggatg	ggggagagca	tcaggctggg	gtcaggtaag	tgtaaatggc	cttctgagca	1920
tgtctttcta	ggctgactcc	cagccctgac	ttgaaacccat	tagcgctaac	ttgtctgtt	1980
ttgagaaaaa	ctttccaaac	ttttgcatga	gaaactagaa	aaagggaatg	atgccacgtt	2040
actggattac	agaaatgagt	taattgtctc	tgtgataaaa	aaaaaaaaatg	aaatatcttc	2100
ttattgaatt	aatatttttg	tcttgaagca	ttttctagt	atagaatgta	tttgtctttt	2160
ttcctgggtg	taccctctta	gcatatatct	ttgtatctct	taagatccta	aacaaatcat	2220
ctttgtcagt	taagtatagt	tgcgcaaaaa	ttgttaaatc	ctttgtcttt	attaaagaaa	2280
aatttgagta	acaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaa			2313

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1650 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

```

ggagaatgaa gatgaacttt ccttcaagggc tggagatata ataacagagc tgggaatctgt 1020
agatgatgac tggatgagtg gagaactttat gggaaaaatct ggaatatattc ccaaaaaacta 1080
catacagttt ctacagatca gctagaggag aagcttgtct gtgttccttg gcacaagaac 1140
tcacttgaac tatcaccttg actatcagat atgtttttgc actatttttt ttaactgaaa 1200
aagaaatata taagctgtac atggtacact agaattttct gaaagcagaa aacgttcaga 1260
ttttgtagtt aatttttcatt acaatagaaa catgcacatg gaaacccatg agctaggatt 1320
ctaccgagga aaacatctag tgggattagc aaggtgaagg gaaagcatct ggtggcatgg 1380
cagcatgggg aggcctcacac acagaagttg cacgtggaca tctgttttaa tcagcacaag 1440
tgaattaacc atgcttcttc attttttttac tttagttaaa aaagaggaca tttaatattc 1500
tacatgctgt aactatcagg acatggttag caatctcaat ttcatttttg atattcaaat 1560
taattctttac agcttgagca tatcagcctt attaccagag caaatccttc cttcagatgg 1620
gatagtttac tgactagtgt gagcatttgt aagcacatgg tgaaatcagc ccctgcccac 1680
caaaataatc tttatgttac caagtgattc ccatttgtct aaggatttga aggggggtcta 1740
aattggatgt atcttagtct aaagaaccaa aaccatccct gaaatgcctt gctaatacaa 1800
ctaactccttc catatatgtg ccatacttat ttttttcttc agtgtatact ttatgttaac 1860
agggttatta caaagcacat tttctgaatc tgcaatcatt cctttgacaa ttactggacc 1920
caaaggaaaa ttcattttct ttgcattatt ccagtaatat ataaaaactg tgtcttgtaa 1980
tagtagtaca ttatgaatca catataaaat cttacaatac agaacaactg ttaagatgga 2040
aaacagtgcc aaacctccac agctcatttc tttgcaatat aatcagaatg aaaaataatt 2100
taagaggaca gaagactggt acttttttgt tttatttttt ctctagctta tccctgcaca 2160
attattagag tgaatgaaaa accactttcc tgcctttccat tgttataaat tctaagctta 2220
agataaaagt ggttctttac atgactgaat caattacaat ttatgggcta gagccaaata 2280
ggttgaagac aatcatccaa acagatcaat ggaatagaat ttcattggaa atgtaaaaca 2340
ctttcccaac aatggtcctg actttcttct gtttttgaga agagtttcat atgctggacc 2400
acatttttagc ttttattggt ttttttttcc cattgtccaa aaagttaagc aacaagtggc 2460
cacactttta cgtgactaca acctggagtt ctgcaaagaa ggtaatatat acttggtctt 2520
tgactaaagt tatctcccca ttctatggtt acattttatt ttggactatg gggacttcta 2580
atacgttttg gtaaagaaga gagtataaag aaaattcttg tcaaatttca ctcaaaagta 2640
atttcatgag aaatcaatga tttaaagcat tatccaaatt aaattatcat ttgcagcaaa 2700
ctgtacaaca gcaggaagga tatggaatgg aacatgaggt atatatcttt gcctttataa 2760
ttttaacatc ttatattgaa gattctgaaa acctatcttt attagaggaa aatctcaatc 2820
ttcagttttg gccttctgtc accagaatga taagtgcaat agttgtaaat ctacttgaca 2880
ctgtaataaa ctgaactgaa ctttcaaaat ccctttctca tactagaactg agttttttga 2940
gaatggaggt gg

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2313 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library



tcacaggcca	cggcaacaac	aacgacaaca	acaaacattt	ggaatattat	tctcaactca	1380
cgtttttaata	atacatctta	ttatttttct	agtagagaaa	ctacaaatca	gcctcttcaa	1440
catttatata	cagttttaata	agcctcttgc	aagttacttg	ttctctcacc	tgaggatatt	1500
ttttcctccc	caccttgccc	ctgttctctc	cttctctctc	tccctttgca	agaggaaata	1560
tttaacatat	ttgggtccaa	cttcaataat	gtaataatta	atacattaaa	agcatttaac	1620
ttccttttcta	gaaaaatgca	caggctaagg	catagacaaa	acaaagagaa	atgctgagaa	1680
atttgccact	ggagacaagc	aatctgaata	aatatttgcc	aaaagttctt	tttatgtcat	1740
atagtgtcag	gatttgaagg	agctattttt	ttttaatggt	gcaactagca	actcatcttc	1800
ggaagacaca	gccaggagaa	tgaagtagaa	gtgaaagggt	tataaatcca	tttgtaagca	1860
tttatcccat	atatttttaa	ttcaagaaaa	atttgtgtta	tctttagaat	tttgtattca	1920
atactttatg	tactatgtga	ctcatgcttc	tggataaata	aagcaccaaa	tatgtatctg	1980
taaccacaat	cacacatatt	atattaaata	tatatctata	taacagccaa	aaaaaaaaaa	2040
agaagagaag	aaaaagaaag	gagagggggg	gggagagaag	gggggggagg	t	2091

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2952 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

ctcgtcccaa	accaggacac	cctctctaca	gtaaatacat	gcgtggggat	gtacttgtga	60
tgctgaagca	gacggaaaat	aattacttgg	agtgccaaaa	gggagaagac	actggcagag	120
ttcacctgtc	tcaaatgaag	attatcactc	cacttgatga	acatcttaga	agcagaccaa	180
acgatccaag	ccacgctcag	aagcctgttg	acagtgggtc	tcctcatgct	gtcgttcttc	240
atgattttccc	agcagagcaa	gttgatgatt	tgaacctcac	ttctggagaa	attggtttat	300
cttctggaga	agatagatac	agattggtac	agagggaact	gtagaaacca	gattggcata	360
tttctgcca	actatgtcaa	agtgattatt	gatatcccag	aaggaggaaa	tgggaaaaga	420
gaatgtgttt	catctcattg	tgtaaaggc	tcaagatgtg	ttgctcgggt	tgaatatatt	480
ggagagcaga	aggatgagtt	gagtttctca	gaggagaaaa	ttattattct	taaagagtat	540
gtgaatgagg	aatgggcccag	aggagaagtt	cgaggcagaa	ctgggatttt	ccccctgaac	600
tttgtggagc	ctggtgagga	ttatcccacc	tctggtgcaa	atgttttaag	cacaaaggta	660
ccactgaaaa	ccaaaaaaga	agattctggc	tcaaactctc	aggttaacag	tcttccggca	720
gaatgggtgtg	aagctcttca	cagttttaca	gcagagacca	gtgatgactt	atcattcaag	780
aggggagacc	ggatccagat	tctggaacgt	ctggattctg	actggtgcag	gggcagactg	840
caggacaggg	aggggatctt	cccagcagtg	tttgtgaggc	cctgcccagc	tgaggcaaaa	900
agtatgttgg	ccatagtacc	gaaggggcag	gaaggccaaa	gccttatatg	atttccgagg	960

```

gttggtgtca tgttgagaaa aaggtagaat aaacottact acacattaaa agttaaaagt 480
tcttactaat agtagtgaag ttagatgggc caaaccatca aacttatttt tatagaagtt 540
attgagaata atctttctta aaaaatatat gcactttaga tattgatata gtttgagaaa 600
ttttattaaa gttagtcaag tgcctaagtt tttaatattg gacttgagta tttatatatt 660
gtgcatcaac tctgttggat acgagaacac tgtagaagtg gacgatttgt tctagcacct 720
ttgagaattt actttatgga gcgtatgtaa gttatttata tacaaggaaa tctattttat 780
gtcgtttgtt aagagaattg tgtgaaatca tgtagttgca aataaaaaat agtttgaggc 840
atgaaaaaaaa 850

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2091 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

aagagacaga ctattaacto cacagttaat taaggacgta tgttccatgt ttatttgtaa 60
aagcagtgtg aatagccttc aagcatgtga ataactcttc atcttccccg ccgctttttg 120
tttcttttcag gtagacacct tttaaaatgc agaactaact gaggcatttc agtaactttg 180
ctttcaaate aataaagtca aatgtatgga aacattttgt gccctactct ccataccccg 240
tgtactcaaa ttctctactg tatgaattat gctttaagta gaattcagtg ccaaggagaa 300
cttggtgaaa taaattattt taattttttt tttatccttt acaaagccat ggattttatt 360
tggttgatgt gtgctctgta cacaagccat ttcaatagga tggagctgtt aattattttc 420
caaagagtaa tagacatgca aaagtttcaa taaaaactgg gccattaaca aataaattaa 480
taaaactaata agcattccct tctaggtttt tgccaaactg cctatccaat aacaaatttg 540
agaatcgttg aaaaagctag ttatatttca gagaaatgat tttcattatt gaaactgttc 600
tccttagcag gccatttttc ctttttcttg ggagtttagc aagtttagga gagaatagtc 660
atgaaaagaa agggaagaaa ggggagaagg gaagagggtta aaaagtaagt gctcagacct 720
atgaacgtaa tccctttgct agaaatattt aagagcagct cagcttggtt gaaactgagt 780
tttgctcatct tccatatttg caggaaggta ttttctgact tgcaatgcag cttagtgtaa 840
aatttttatt tatcatccta gaaagccttg actagaaaaa tgaataaata ttgagggttt 900
cctgtccata tctggcttgc atgtgccaga aagcagagaa tagaaaaatg aatctccaac 960
atccaagcat cgaaacccaa gggtaggca attctatgta ggttttggac atgaagtttg 1020
gtgcatcttg gtttatgctg gctcaactgc tattaaacct ctctggctta tagtctcttc 1080
attctattag acaagcacgt atcgaacact tgcttcgcac aaggtctctt agttaacaat 1140
ttagcagcta ctgtttgtgt taaacacact tttcaccaaa taggttctga ggcaaacgag 1200
agcaatgact atttaaagaa aggttttccc agcatcactt acacatccca aaactaaaaa 1260
gatcaactct tccaaactgag aaaagactcc tggctttgaa tggaaactta cagcagagag 1320

```

```

agacttatttt gcagtactgt gttcttcagc tagaggcagc tttttaaata atgcaagtgt 840
atattattagc attaaaaatta acatctcagc aatcagcatt agcattttctg aggaccatta 900
ttaattctga gaacagaaat tgggtgccttg caaggaagtt tactagctct atcaacaagc 960
attcaagggtt acatctgcta gcagagtagt gtttaggaacc tggccttact ctctcttgac 1020
aatcgcaatt ttttcttatt ttttataaat tcaagaagat acacttggca tcgtgtatcg 1080
aggctaagtt tttcatgcat ttcccagact acttatggag aattgcagtt taagttgctg 1140
aaaagtatta acatggtatt aagcttaaat aatacgtaat gggactagat ggcccactaa 1200
gccactgtta ttttccttcc tctctggcag ggcacttgat ccattccaaa gtcaaaaact 1260
ggactgaagc taaatttgta cttttcataa tatacattct gcttctggct tatcttcttg 1320
gtacatcaat atatttaattg taaagtttat tgtatagtat ttaaccgctg aagttcctat 1380
tttatgttgt gcttatgtga accccttggt gaaggtccct tttccttgga tgtgtagtta 1440
tatgatcttt ttaaattgtac agatattttg ctataaaaatc ggtgcagttt tttatggttt 1500
ttacacttct ctttaattcc cacctaagcc tctgggtaat attgtaaata ttgttttaaa 1560
atgcatcagc ctatgctata caatctgaat gttattttta cttatagttt tttttaatat 1620
atataattta ctataaggac agtttaggga acaagttacc taccacattt cacttttagtg 1680
tacctattta cagaaagatt aaactgccac ctgcgggcac attcccataa atgtgtactt 1740
tactttaaaa agaaccatgcc acgattttgt ctttctgtgg actcaacatt cacttcgatt 1800
aaaaatagca atttgacca gttggacttc cactacaaag cagctgtttt ccaaagttca 1860
atgctgacat atatgtatat taaaataatt gcctatttat taatctacaa atagacaacg 1920
ttggcatgtt cttttctgtt tgtctattaa tgggcctgct tcttagcaat attagaatgt 1980
tttataaaaag caattcatgt tacttttctg gtcttttcat ggcatatgag caaataataa 2040
actattttaca ctactagaaa gaaaagagaa gaa 2073

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 850 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

ctattacaca tgagggttttt aatgtatttta gacctgacaa taggggtgtc acttagatgt 60
gatctcagtg ttgtgggtaa ctttgtgtgt ctttaattcg aaatctggaa catagatgat 120
gattttttcc tttgaattaa cttaatgtgt tctcttccct acagatttca gaacttatat 180
ttccacctct tccaatgtgg caccctttgc ccagaaaaaa gccaggaatg tatcgaggga 240
atggccatca gaatcactat cctcctcctg ttccatttgg ttatccaaat caggaagaa 300
aaaataaacc atatcgccca attccagtga catgggtacc tctcctgga atgcattgtg 360
accggaatca ctggattaat cctcacatgt tagcacctca ctaacttctg ttttgattgt 420

```

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

```

attgocgagtt tttttgtttg ttgtttcaat gtgacttgte gtttatttca atgaaaattt 60
aaatgattct tacaaatcct ctgaaaagta aaactgatac ttttataaac agaagtatat 120
gcaaacagtc acaatatgca ttaggacgac tgacgatatt ttttacatgc cagggagttc 180
ttccatccca gcaaacacct cttatctgaa agtggttttt ctctataaaa ttggcatcta 240
agggattttt aaaaagtcaa aaacagtggc aggg 274

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2073 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

taaattttcca aatgtttcact cgaggatctt agaaaccaac catacagacg agccgatgcg 60
gtgaggagaa gcgtcaggcg gcgctttgat gatcagaact tgcgttctgt taatggtgcc 120
gaaataacaa tgtgaacctg agactggcct gcatgaatac aggggtgtgcg tgaatgaaac 180
tgccacatg aactttatgt gctacgattt aactgcagcc ttgaacacac acaaaaatat 240
tcttaagggc tcagatttag caaacacaga agaatttttaa aatgagctct cctttcaacc 300
cttggttaaca agtgccataa aatggaagta cctgttcaga ttaatcaaag caataggatt 360
tgatttgatt aggtatcttt ttacaccagt atgttatatt taaccaaaat gtaaagttct 420
tattaaactc attacctgcc attgtgattg tcccatcatg gccacactgg tttcctgatg 480
ttgtaataaa catcaatgca tctgctgtgg gtcccttctg gagatgtctt cgaaggaatt 540
ttgttttagc catatccatc aactttgtat tttacttgca atttggaaga aggaaagtca 600
catgatgaaa ctccctttgt ctataaccag gccctggcaa agtgcaaaaca ggatgcaact 660
gcagtggcac aaaggtcact caatcctttg tttccagttt cacattctac tacttctgtg 720
ctagagaacg atgctctgtg agaggcatto actagtatga atgtggggat atagtgtata 780

```

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

ccacgtagcc	tctgtgceget	gogtgcagct	tctgtctccc	tgttttttcta	atcaaggggt	60
taggactttg	ctatctctga	gatgtctgct	acttgctgca	aattctgcag	ctgtctgctg	120
ctctaaagag	tacagtgcac	tagaggggaag	tggtcccttt	aaaaataaga	acaactgtcc	180
tggctggaga	atctcacaag	cggaccagag	atcttttttaa	atccctgcta	ctgtcccttc	240
tcacaggcat	tcacagaacc	cttctgattc	gtaaggggta	cgaaactcat	gttcttctcc	300
agtccctgt	ggtttctggt	ggagcataag	gtttccagta	agcgggaggg	cagatccaac	360
tcagaaccat	gcagataagg	agcctctggc	aaatgggtgc	tcatacagaac	gcgtggattc	420
tctttcatgg	cagaatgctc	ttggactcgg	ttctccaggc	ctgattcccc	gactccatcc	480
tttttcaggg	gttattttaa	aatctgcctt	agattctata	gtgaagacaa	gcatttcaag	540
aaagagttac	ctggatcagc	catgctcagc	tgtgacgcct	gaataactgt	ctactttatc	600
ttcactgaac	cactcactct	gtgtaaaagg	caacagattt	ttaatgtggt	tttcatatca	660
aaagatcatg	ttgggattaa	cttgcccttt	cccccaaaaa	ataaaactctc	aggcaagcat	720
ttctttaaag	ctattaaggg	agtatatact	tgagtactta	ttgaaatgga	cagtaataag	780
caaatgttct	tataatgcta	cctgatttct	atgaaatgtg	tttgacaagc	caaaattcta	840
ggatgttgaa	atctggaaa	ttcatttctc	gggattcact	tctccaggga	ttttttaaag	900
ttaatttggg	aaatttaacag	cagttcactt	tattgtgagt	ctttgccaca	tttgactgaa	960
ttgagctgtc	atgtgtacat	ttaaagcagc	tgttttgggg	tctgtgagag	tacatgtatt	1020
atatacaagc	acaacagggc	ttgcactaaa	gaattgtcat	tgtaataaca	ctacttggtg	1080
gcctaacttc	atatatgtat	tcttaattgc	acaaaaagtc	aataatttgt	caccttgggg	1140
ttttgaaatgt	ttgctttaa	tgttggctat	ttctatgttt	tataaaccaa	aacaaaattt	1200
ccaaaaacaa	tgaaggaaa	caaaataaat	atttctgcac	ttcaaatgaa	aaaaaaaaaa	1260
aaaaa						1265

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 274 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```

cggctcagtg gccctgagac catagctctg ctctcgggtcc gctcgtgtgc cgttagcccg 60
ctgcgatgtt gcgcgctgcc gcccgcttcg ggccccgcct gggccgcgcg ctcttgtag 120
ccgccgccac ccaggccgtg cctgccccca accagcagcc cgagggtcttc tgcaaccaga 180
ttttcataaa caatgaatgg cactgatgcg tcagcaggaa aacattcccc accgtcaatc 240
cgtccacttg agaggtcatc tgtcaggtag ctgaagggga caaggaagat gtggacaagg 300
cagtgaaggc cgcccgggcc gccctccagc tgggctcacc ttggcgccgc atggacgcac 360
cacacagggg ccggtctgtg aaccgcctgg ccgatctgat cgagcgggac cggacctacc 420
tggcggcctt ggagaccctg gacaatggca agccctatgt catctcctac ctggtggatt 480
tggacatggt cctcaaatgt ctccggtatt atgccggctg ggctgataag taccacggga 540
aaaccatccc cattgacgga gacttcttca gctacacacg ccattgaacct gtgggggtgt 600
gcgggcagat cattccgtgg aatttccccc tcttgatgca agcatggaag ctggggcccag 660
ccttgccaac tggaaacgtg gttgtgatga aggtagctga gcagacaccc ctccaccgcc 720
tctatgtggc caacctgac aaggaggctg gctttccccc tgggtgtggtc aacattgtgc 780
ctggatttgg cccacggct ggggcgccca ttgcctccca tgaggatgtg gacaaagtgg 840
cattcacagg ctccactgag attggccgag taatccaggt tgctgctggg agcagcaacc 900
tcaagagagt gaccttggag ctggggggga agagcccca catcatcatg tcagatgcgc 960
atatggattg ggccgtggaa caggccact tcgccctgtt ctccaaccag ggccagtgtc 1020
gctgtgccgg ctcccggacc ttcgtgcagg aggacatcta tgatgagttt gtggagcgga 1080
gggttgcccc ggccaagtct cgggtggtcg ggaacccctt tgatagcaag accgagcagg 1140
ggccgcaagt ggatgaaact cagtttaaga agatcctcgg ctacatcaac acggggaagg 1200
aagagggggc gaagtgcgtg gtggtggggg cattgctgct gaccgtggtt acttcattca 1260
gcccactgtg tttggagatg tgcaggatgg catgaccatc gccaaaggag agatcttcgg 1320
gccagtgatg cagatcctga agttcaagac catagaggag gttgttggga gagccaacaa 1380
ttccacgtac gggctggccg cagctgtctt cacaaaggat ttggacaagg ccaattacct 1440
gtcccaggcc ctccaggcgg gcaactgtgt ggtcaactgc tatgatgtgt ttggagccca 1500
gtcacccttt ggtggctaca agatgtcggg gagtggccgg gagtggggcg agtacgggct 1560
gcaggcatac actgaagtga aaactgtcac agtcaaagtg cctcagaaga actcataaga 1620
atctgcaag cttctccct cagccattga tggaaagtgc agcaagatca gcaacaaaac 1680
caagaaaaat gatccttgcg tgcgtgaatat ctgaaaagag aaatttttcc tacaaaaatc 1740
cttgggtcaa gaaagtctta gaatttgaat tgataaacat ggtgggttgg ctgagggtaa 1800
gagtatatga ggaacctttt aaacgacaac aatactgcta gctttcagga tgatttttaa 1860
aaaatagatt caaatgtgtt atcctctctc tgaaacgctt cctataactc gagttttatag 1920
gggaagaaaa agctattgtt tacaattata tcaccattaa ggcaactgct acacctgtct 1980
ttgtattctg ggctaagatt cattaataaac tagctgctct taaaaaaaaa aaagaa 2036

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1265 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

accagcaagc	aaccggccga	agtctggaag	ggcgccggag	ccccgcgaac	cgccccgaac	60
gagcgcagga	ggttccccgc	cgccgcgcgc	ttggccccga	gttcctgcag	ccgcagccgg	120
cacggagggg	gccagccccg	accttgcccc	gctgcggccc	gcggctcccc	gccaaacccc	180
cctcaggaaa	gagggtttta	aatcaaaag	gggaaaatcg	gagaaaattg	cccttcccca	240
tggccagctt	gttcatggta	tacacttgta	tgagcaacca	aagataaaca	gacagaaaag	300
caaataatac	ttgccactaa	ccaagatcac	ctctgcaaaa	agaaatgaaa	acaacttttg	360
gcaggattct	gtttcatctg	acagaattca	gaagcaggaa	aaaaagcctt	ttaaaaatac	420
cgagaacatt	aaaaatttcg	atgtgaagaa	atcagcattt	ctaactgaag	tgagccaaaa	480
ggaaaattat	gctggggcaa	agtttagtga	tccaccttct	cctagtgttc	ttccaaagcc	540
tcctagtcc	tggatgggaa	gcaactgtga	aaattccaac	caaaacaggg	agctgatggc	600
agtacactta	aaaacgctcc	tcaaagtcca	aacttagatt	tcagatttca	gtatgtgtgt	660
aaaacataat	ttttcccata	tccctggact	cttgagaaaa	ttggtacaga	aatggaaatt	720
tgctttgttg	caacatacaa	ttgcaaaaga	tgagtttaaa	aaattacata	caaacagctt	780
gtattatatt	ttatatattg	taaatactgt	ataccatgta	ttatgtgtat	attgttcata	840
cttgagaggt	atattatagt	tttgttatga	aagtatgtat	tttgccctgc	ccacattgca	900
ggtgttttgt	atatatacaa	tgataaaatt	ttaagtgtgt	gctaaggcac	atggaagacc	960
gattttattt	gcacaaggta	ctgagatttt	tttcaagaaa	cagctgtcaa	atctcaaggt	1020
gaagatctaa	atgtgaacag	tttactaatg	cactactgaa	gtttaaatct	gtggcacaat	1080
caatgtaagc	atgggggttg	tttctctaaa	ttgatttgta	atctgaaatt	actgaacaac	1140
tcctattccc	atttttgcta	aactcaattt	ctggtttttg	tatatatcca	ttccagctta	1200
atgcctctaa	ttttaatgcc	aacaaaattg	gttgtaatca	aatttttaaaa	taataataat	1260
ttggcccccc	cttttttaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	a		1301

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2036 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

ctcgagccga ttccggctcga gctaattttt aagtctcgat tggaaatcag tgagtaggtt 60
cataatgtgc atgacagaaa taagctttat agtgggtttac ctccatttag ctttggaagt 120
tttctttgcc ttagtttttg aagtaaattc tagttttagg ttctcatttg taatgaacac 180
attaacgact agattaaaat attgcoctca agattgttct tacttacaag acttgctcct 240
acttctatgc tgaaaattga ccttgatag aatactataa ggttttgagt tagctggaaa 300
agtgatcaga ttaataaatg tatattggta gttgaattta gcaaagaaat agagataatc 360
atgattatac ctttattttt acaggaagag atgatgtaac tagagtatgt gtctacagga 420
gtaataatgg ttccaaaaga gtatttttta aaggaacaaa acgagcatga attaatctct 480
caatataagc tatgaagtaa tagttgggtg tgaattaaag tggcaccagc tagcacctct 540
gtgttttaag ggtctttcaa tgtttctaga ataagcoctt attttcaagg gttcataaca 600
ggcataaaaat ctcttctcct ggcaaaagct gctatgaaaa gctcagctt gggaagatag 660
atttttttcc cccaattac aaaatctaag tattttggcc ctccaatttg gaggagggca 720
aaagttggaa gtaagaagtt ttattttaag tactttcagt gctcaaaaaa atgcaatcac 780
tgtgttgtat ataatagttc ataggttgat cactcataat aattgactct aaggctttta 840
ttaagaaaac agcagaaaaga ttaaactctt aattaagtct ggggggaaat ggccactgca 900
tagtgagttt tagagtagta atgaaattct acctagaatg caaaattggg tatatgaatt 960
acatagcatg ttgttgggat tttttttaat gtgcagaaga tcaaagctac ttggaaggag 1020
tgccataaat ttgccagtag ccacagatta agattatctt ttatatatca gcagattagc 1080
tttagcttag ggggaggggt ggaaagtttg gggggggggt tgtgaagatt tagggggacc 1140
ttgatagaga actttataaa ctctttctc ttaattaaag acttgtctta caccgtgctg 1200
ccattaaagg cagctgttct agagtttcag tcacctaaat acaccacaa aacaatatga 1260
atatggagat ctctctttac cctcaactt taatttgccc agttatacct cagtgttgta 1320
gcagtactgt gatacctggc acagtgttt gatcttacga tgcctctgt actgacctga 1380
aggagacctt agatgctctt ccctttttga gtttgaatca tagccttgat ttggctctct 1440
gttttatgtc cttgttctta atgtaaaagt gcttaactgc ttcttggtg tattgggtag 1500
cattgggata agattttaac tgggtattct tgaattgctt ttacaataaa ccaattttat 1560
aatctttaaa tttatcaact tttacattt gtgttatttt cagtcagggc ttcttagatc 1620
tacttatggt tgatggagca cattgatttg gagtttcaga tcttccaaag cactatttgt 1680
tgtaataact tttctaaatg tagtgctttt aaaggaaaaa tgaacacagg gaagtgactt 1740
tgctacaaat aatgttgctg tgtaagtat tcatattaaa tacatgcctt ctatatggaa 1800
catggcagaa agactgaaaa ataacagtaa ttaattgtgt aattcagaat tcataccaat 1860
cagtgttgaa actcaaacat tgcaaaagtg ggtggcaata ttcagtgtt aacacttttc 1920
tagcgttggt acatctgaga aatgagtgt caggtggatt ttatcctcgc aagcatgttg 1980
ttataagaat tgtgggtgtg cctatcataa caattgtttt ctgtatcttg aaaaagtatt 2040
ctccacattt taaatgtttt atattagaga attctttaat gcacacttgt caaatatata 2100
tatatagtac caatgttacc tttttatttt ttgttttaga tgtaagagca tgctcatatg 2160
ttaggtactt acataaattg ttacattatt tttcttatg taataccttt ttgttctgtt 2220
atgtggttca aatatattct ttccctaaac tcttaaaaaa aa 2262

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1301 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel



(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

caagtgtgag	ccaccacacc	tggcctggaa	ggaacctctt	aaaatcagtt	tacgtcttgt	60
atTTtGttct	gtgatggagg	acactggaga	gagttgctat	tccagtcaat	catgtogagt	120
cactggactc	tgaaaatcct	attggttcct	ttatTTtatt	tgagtttaga	gttcccttct	180
gggtttgtat	tatgtctggc	aatgacctg	ggttatcact	tttctccag	ggttagatca	240
tagatcttgg	aaactcctta	gagagcattt	tgctcctacc	aaggatcaga	tactggagcc	300
ccacataata	gatttcattt	cactctagcc	tacatagagc	tttctgttgc	tgtctcttgc	360
catgcacttg	tgcggtgatt	acacacttga	cagtaccagg	agacaaatga	cttacagatc	420
ccccgacatg	cctcttcccc	ttggcaagct	cagttgccct	gatagtagca	tgtttctggt	480
tctgatgtac	cttttttctc	ttcttctttg	catcagccaa	ttcccagaat	ttccccaggc	540
aatttgtaga	ggaccttttt	ggggtcctat	atgagccatg	tcctcaaagc	ttttaaacct	600
ccttgctctc	ctacaatat	cagtacatga	ccactgtcat	cctagaaggc	ttctgaaaag	660
aggggcaaga	gccactctgc	gccacaaagg	ttgggtccat	cttctctccg	aggttgtgaa	720
agttttcaaa	ttgtactaat	aggctggggc	cctgacttgg	ctgtgggctt	tgggaggggt	780
aagctgcttt	ctagatctct	cccagtgagg	catggagggtg	tttctgaatt	ttgtctacct	840
cacagggatg	ttgtgaggct	tgaaaaggtc	aaaaaatgat	ggccccctga	gctctttgtg	900
agaaaggtag	atgaaatata	ggatgtaatc	tgaaaaaaag	ataaaatgtg	acttccccctg	960
ctctgtgcag	cagtcgggct	ggatgctctg	tggcctttct	tgggtcctca	tgccacccca	1020
cagctccagg	aaccttgaag	ccaatctggg	ggactttcag	atgtttgaca	aagaggtacc	1080
aggcaactt	cctgctacac	atgccttgaa	tgaattgcta	aatttcaaag	gaaatggacc	1140
ctgcttttaa	ggatgtacaa	aagtatgtct	gcctcgatgt	ctgtactgta	aattttcta	1200
ttatcactgt	acaaagaaaa	ccccttgcta	tttaattttg	tattaaagga	aaataaagtt	1260
ttgtttgtta	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaa		1304

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2262 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (A) LÄNGE: 1488 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

ttttactgac	cttgctagaa	gtttacagca	aggaagtgc	ggaacatttc	acaaatctac	60
aatctgtgag	tatcacatcc	tgtatagctg	taaacactgg	aataaggaag	ggctgatgac	120
tttcagaaga	tgaaggttaag	tagaaaccgt	tgatgggact	gagaaaccag	agttaaaaacc	180
tctttggagc	ttctgaggac	tcagctggaa	ccaacgggca	cagttggcaa	caccatcatg	240
acatcacaac	ctgttcccaa	tgagaccatc	atagtgtctc	catcaaattg	catcaacttc	300
tcccaagcag	agaaaccoga	acccaccaac	caggggcagg	atagcctgaa	gaaacatcta	360
cacgcagaaa	tcaaagttat	tgggactatc	cagatcttgt	gtggcatgat	ggtattgagc	420
ttggggatca	ttttggcatc	tgcttccttc	tctccaaatt	ttaccaagt	gacttctaca	480
ctgttgaaact	ctgcttacct	attcatagga	cccttttttt	ttatcatctc	tggctctcta	540
tcaatcgcca	cagagaaaag	gttaaccaag	cttttgggtg	atagcagcct	ggttgggaagc	600
attctgagtg	ctctgtctgc	cctgggtggg	ttcattatcc	tgtctgtcaa	acaggccacc	660
ttaaatcctg	cctcactgca	gtgtgagttg	gacaaaaata	atataccaac	agaagttat	720
gtttcttact	tttatcatga	ttcactttat	accacggact	gctatacagc	caaagccagt	780
ctggctggaa	ctctctctct	gatgctgatt	tgactctgc	tgggaattctg	cctagctgtg	840
ctcactgctg	tgctgcgggt	gaaacaggct	tactctgact	tccttggggg	gagtgtgctg	900
gccggcttca	cttaaccttg	cctagtgtat	cttatccctg	cactgtgttg	agtatgtcac	960
caagagtggg	agaaggaaca	accagccaat	cacgagatac	acatgggagg	gcatttgcac	1020
tgtgatggaa	gacagagaag	aaaagcagat	ggcaattgag	tagctgataa	gctgaaaatt	1080
cactggatat	gaaaaatagt	aatcatgaga	aatcaactga	ttcaatcttc	ctattttgtc	1140
agcgaaggga	atgagactct	gggaagttaa	atgactggcc	tggcattatg	ctatgagttt	1200
gtgcctttgc	tgaggacact	agaacctggc	ttgcctccct	tataagcaga	aacaatttct	1260
gccacaacca	ctagtctctt	taatagtatt	gacttggtaa	agggcattta	cacacgtaac	1320
tggatccagt	gaatgtctta	tgctctgcat	ttgcccctgg	tgatcttaaa	attcgtttgc	1380
ctttttaaag	ctatatataa	aatgtattgt	tgaatcaaaa	aaaaaaagg	agtgagaggt	1440
gggggtggggg	gggggaggag	ggggggccgt	ttaggggggg	ccgggttt		1488

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

```

cttttatact tgaaaatgac agccttaaat gctcatatca gtcacaaatc taggatgtac 2340
tgtcttggtg tatgtgagct ttgtagagat ttttaaaaaat ataagcatca ccttcccatt 2400
gaagagtggg gagagtctac tggatgactg gccaggaact ttctctctga atcggacatt 2460
tggatgtctt ctttcttcca agaaatggtg gttcacatta aagtatcatg gccttatgta 2520
tgctcaaatg gaatcttatg taactttctt atttaatttt ggtctgctta tttttagata 2580
aaattgaaag gaattgtata aatcaattaa catattagct gagttgtcca acacatggta 2640
taaacgaatt acaacagtaa actattacac atttccaact tgcctttggg gatttatgag 2700
gatttttttt ggtgggggga gggggctcca attcatatct ctgaaacctc tcacacttgg 2760
tttactaatt caaagttaga agtctagaat ttgccctgcc ctaacagaaa cagattagga 2820
at ttgtctac acaaactggt gtcacctgtt tcttgactgg gatttggttt cctcattata 2880
aatatgggag gtagaacaga gatctccaac gtctctccca tttatcacag taattttctt 2940
attcacagta at 2952

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 615 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```

gcaaggatgg tctcaatctc gacctcgtga tccgccacc ttggcctccc aaagtgttgg 60
gattacaggg gtgactcacc atgccagcc acttagtttt ttcttattcc cacttttcta 120
tcccatagaa cactcttttt tatcttccct gaaccatatt gatgagataa atagggttgg 180
gggctggggc ccgctgggtc ctcaacagag tatttccctt ggccgagatg gaagtgttgg 240
cccaatagat gagctgctga gtatcaacaa ggtgacattt ttctgctgcc catttgtgtc 300
ctggagacgg tggtagcctg aaggcagagg ccagctgccg caagacagca atgacagtcc 360
acctgccgac ctgattcctg catcatggaa taaccacatg gctaccttct atcctctgtt 420
cccaaattgg tggggcactt atcctgaagt cgtcaatgat ttccctttga aactacttta 480
ttttactaat ttaaaactatt ttgtactgat gtagccctga ggtagtccat gaaaatgctg 540
tgcactcatt ccattggaata aatgttggaa agctgatctt ttctgatata aaatgttgaa 600
tgataaaaaa aaaaaa 615

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

gtgcggtatgc	cgcccgccag	cagcatcatg	gtcaccgggc	ccggcgccgt	gatgetcaag	60
tgcgtggtgg	tggcgacgg	ggcggtgggc	aagacgtgcc	tactcatgag	ctatgccaac	120
gacgccttcc	cgaggagta	cgtgcccacc	gtcttcgacc	actacgcagt	cagcgtcacc	180
gtggggggca	agcagtacct	cctaggacct	tatgacacgg	ccggacagga	agactatgac	240
cgtctgagge	ctttatctta	cccaatgacc	gatgtcttcc	ttatatgctt	ctcggtggta	300
aatccagcct	catttcaaaa	tgtgaaagag	gagtgggtac	cggaaactta	ggaatacgca	360
ccaaatgtac	cctttttatt	aataggaact	cagattgac	tccgagatga	ccccaaaact	420
ttagcaagac	tgaatgatat	gaaagaaaaa	cctatatgtg	tggaaacaagg	acagaaaacta	480
gcaaaagaga	taggagcatg	ctgctatgtg	gaatgttcag	ctttaaccca	gaagggattg	540
aagactgttt	ttgatgaggc	tatcatagcc	attttaactc	caaagaaaac	caactgtaaaa	600
aaaagaatag	gatcaagatg	tataaactgt	tgtttaatta	cgtgagaaac	atcttcagtg	660
gccaaggaaa	ctgtccattt	ctctcagaaa	gcaaatgaaa	tgctacagct	ataccagac	720
cttttatagg	taatgaagca	gttcaaaaact	tgaagaaaaa	caaaacctgt	cctcagaatt	780
ctataaagtg	tattaagaat	gttcctttaa	ggtttaagaa	gcagtaagca	gcactctgaag	840
ccacaatcta	ttataaatat	tttatttcaa	ctagaaggta	caatctctca	gggggttctat	900
agtttaaaaa	gtacaatatc	catcatgttg	taactacgta	aaaaacagag	ctgtaaatgg	960
aactgcttgg	ctttgaccat	acacatttct	gcccagccct	tacagaatct	gcacaaagaa	1020
atatctccct	ttgctccagt	taattgttct	tgtatgtaag	ttgctttcta	ttccagtata	1080
tccagagtgg	tgaataaaca	aggccagcca	cgtagccaaa	ggtcgctcca	agcgtacagg	1140
agatgggcca	tacctgagga	gagaatgtat	gagatcaaaa	aagaacaaat	gtttttattat	1200
tacttgagca	caagtgtaac	ctaaatattt	ctatatataa	gcttaatgtg	ctttctttaa	1260
gaatgccaaa	agtgtataaa	ggtcataact	gcatttatca	tgaacactaa	aaatgtacac	1320
attttagtta	atgtgcatta	aactgtataa	aggcttctgg	caattgtaga	tttagtttga	1380
cgtctcccaa	agtgcattag	acacatgcta	aaattacaaa	ttaaaatttt	gggtcagact	1440
ttgccataat	gatagactca	atttagctct	ctgaactagt	tggttaatttt	ttttttttaa	1500
ttcccacttt	ggctgtgtac	atcaaatgaa	atgagaagtg	tgtatgctga	ccaaaccaca	1560
agaaaacttt	tttaagttgt	gttaaagagg	aaagacctag	aatccaagcg	tgttacatga	1620
aaattgtaac	agagcagctg	cttccacctt	tcagatatag	atgttggaac	cacagcagaa	1680
gtttatagag	gacaaactat	atacacacct	agaattgaag	ttaaacaaaa	taccggcttc	1740
cagagacccc	ttttctccag	ccatattaca	tcaggctaga	agtaattaat	gttgctttat	1800
ttcatctaca	agcagttggg	ccctaagtga	aaggctctgc	ttgaaaaaaa	aaagaaaaaa	1860
aagttggagg	aaaattttca	tgttctttct	tgaagcttat	ttggtacact	ggagccattt	1920
ctaactcttt	cttgggggga	acaggccaca	gaactgtgtt	agaggtgaac	catcttaatt	1980
actagttcta	ttacctaat	cagcttccct	gtttgggtct	ctgtggatct	gccttatttg	2040
atatgccatg	catcagataa	tggatgcact	agataatggt	gttagacaaa	gcttcattgt	2100
gaacaacctc	atgcatttta	gagaaacaat	ctcatcacat	ttttctctag	ctttctctaca	2160
tttaaacctg	ctgttgccca	aattataatt	ttttaaatgt	ctttgggtgg	ctctgtttaa	2220
ttcacatgac	ttgagcttat	agctatgtct	actgcacaga	ttgggttaatg	gaacactaaa	2280

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

gaggcctg	cccacacct	ctcctgtcca	gccctcgccc	gcctgggcag	ggcccgggcg	60
cgctcgtgga	tgagccacag	aacctcttcc	accttcggag	cggagagaag	tttccattcc	120
tcttccctctt	cctcctccgc	tgccacctcc	tcctcggcct	cccgtgctct	cccgccccag	180
gacccgcccc	tggagaaggc	cctgagcatg	ttttccgatg	actttggcag	cttcatgcgg	240
ccccactcgg	agccctggc	cttcccagcc	cgccccgggtg	gggcaggcaa	catcaagacc	300
ctaggagacg	cctatgagtt	tgcggtggac	gtgagagact	tctcacctga	agacatcatt	360
gtcaccacct	ccaacaacca	catcgagggtg	cgggctgaga	agctggcggc	tgacggcacc	420
gtcatgaaca	ccttcgctca	caagtgccag	ctgccggagg	acgtggaccc	gacgtcgggtg	480
acctcggctc	tgcgggagga	cggcagcctc	actatccggg	cacggcgctca	cccgcataca	540
gaacacgtcc	agcagacctt	ccggacggag	atcaaaatct	gagtgcctct	cccttccctt	600
tccctgtgcc	ccccgcccc	cgcttgcag	caaagcctcg	ctaaccocat	tacaacagct	660
ccaggacatc	tcagcccagg	ttctagcccc	caogcacc	agaccccagg	tggaacctcc	720
tcccaaaact	gggccctcca	ctctatccag	ggcaggccag	ggactccctg	gcctgacaca	780
tgatgcccag	atttcagatt	tggcctccgt	cacttaatcc	agagtacagg	ggctgggggtc	840
agggaaaggaa	gatctaaaga	acccactgtg	ggtcaggggga	atgggaccag	caggacatat	900
gggcaagctc	tgacggacag	acaggcagac	aaacctctctg	atctatgaag	tctctgcagg	960
gcaaggggac	cagggacctg	gaacctctt	ggccaagggg	agtgggagag	acagaggggaa	1020
ggtcacaggc	aagggtgcct	atctaagtgg	aactaattgc	ccgagggtc	agcaaggcca	1080
agaggagaca	gcggtgacgg	ttaaacttccc	ctctaccagc	ctccaagccc	cacgccagcg	1140
agcaggctgc	ctgcccaccc	cgtgccccca	gccagctggc	tgtgccaggg	cagagccatg	1200
ccacatctgt	atatagatgg	ggtttttcca	atacagctgg	ttcgtgataa	actgcatgaa	1260
actcctgccc	tcctgcgcct	gctggggcct	ccaggcaagg	ccacgtgggg	ttgggggtgg	1320
ggctggtcct	tctccctccc	acaggcctgt	gttcttgggg	ctgctcccat	gcagacagga	1380
tcacctaaca	gagatggaag	ccagggcatg	gatggggcct	tgggtcctcg	aggttggacc	1440
ccagcttctt	gccaccttcc	cctccgggca	gtcagctctc	catccatccc	cctctttaat	1500
ctatgaatct	ataggetcgg	tgtgtgtaac	acacacaccc	ctatcgttgt	ccttcaaata	1560
ctcagcatta	ccattgggtt	aggccaaatt	cagagctttc	tcaaatcaga	tttacaatct	1620
ccattttcat	taacggggaa	acatccccga	gccactgagt	gctgtgcttt	gtcactgaag	1680
gttagatctg	aacctcagggt	gtcaacagct	gctctcaact	ccccacctct	gggcactgag	1740
gagtatttcc	cctcattteta	cctctctaa	gctatgcacc	cctccccacg	tcttccagct	1800
gggggatggg	gggagtcata	ggaaaagccc	ccatctccca	tctgggatag	ggaccttcca	1860
tcagccttaa	ccctgggaaa	tgccctgctgc	ccccagtgac	tcttgggttc	gtctcccaca	1920
tacagaagca	gggtggaggg	gaagggtggg	tctcagttag	caggggtccc	cagggcaagt	1980
cagcctcctc	cctccatgcc	tctctgggtca	gtgtgcctta	gggtggcctc	tactcccac	2040
cactctgggc	cccttggggg	aggactgggg	agggggccgt	gggagagccc	tgacgctgga	2100
acctgtatac	acaataaagg	acagtctcac	agacaaaaag	aggccgcctg	ccggagtctt	2160
caaacttagg	gcagggcctt	acttgagaga	aa			2192

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2952 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

ataaaccatct	ggagtgtgtc	cagtttgttc	ttcataggac	caatttttat	ttgcagcttg	1380
agtttttata	tgaagttgca	ttattgtgga	cttggtgtc	ttgtgatgaa	tttttttcat	1440
atgtattctg	tgccatacta	ttgttaaaat	gaactgttgc	tattgtgaga	tggatttttaa	1500
ctgacctatt	aagggtttct	ttogaatggc	actactttag	ggacattcta	gtatttgctt	1560
ctattgtttg	ggccttgtgg	ataatgtaca	gatttaaaaa	caaactcttg	tgctgatttg	1620
tccatttctt	tccctgcact	ttgttacatc	tgggatacag	tctaactcat	ctgattttaat	1680
atgcatttaa	aaaaatgcc	taactattaa	acacctgtt	tacagacaga	tgaaataaat	1740
ttattccaac	caaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaagag			1776

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47 :

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 360 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

gccacgggtc	cggccacggg	tgcggccacg	ggtccgacaa	tagtatgcag	ctaaaaaata	60
attgtatgtc	tttatatact	aatatgtaat	aatcttcagg	tgaaaaaggc	aagccacaga	120
aatgtgtata	gcgcacttcc	catttgtgtt	tcagaaagga	gtagaatata	aacacataat	180
tgcttatgta	tgccatttca	gaataaatgg	gtaacactga	ttacttttgg	gaggggaacc	240
agtaggttga	ggacaggaga	gggaagggtc	ttaacactta	caccttttgg	tacattttga	300
attttgaacc	atgtgactgt	attacctatt	caaaataaac	aataaatggg	cccaaacagg	360

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: Basenpaare
- (B) TYP: 2192 Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

```

cggattgctc aaggacccat gggagagagg aggcctttgac tgggctgcct gcctgtgagg 120
tctctggact agagggtccaa cgcagtcacag ctgacaagga tggaaatagc catgaagtcc 180
cttagccttc tctaccccaa gtccctctcc aggcattgtgt cagtgcgtac ctctgtggtg 240
accagcagc tgctgtcgga gccagcccc aaggccccca gggcccgggc ctgccgcgta 300
agcacggcgg atcgaagcgt gaggaagggc atcatggctt acagtcttga ggacctctc 360
ctcaaggctc gggacactct gatgctggca gacaagccct tcttcctggg gctggaggaa 420
gatggcacia ctgtagagac agaagagtag ttccaagccc tggcagggga tacagtgttc 480
atggtcctcc agaaggggca gaaatggcag ccccatcag aacaggggac aaggcacc 538

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1776 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

```

gtctagggcg gccgcgctg cgcctgctgc tctcgcctg ccgcgctgca gtgcgaaggg 60
ctcgaagatg gccggttggc agagctacgt ggataacctg atgtgcgatg gctgctgcc 120
ggaggccgcc attgtcggct actgcgacgc caaatagctc tgggcagcca cggccggggg 180
cgtctttcag agcattacgc caatagaaat agatatgatt gtaggaaaag accgggaagg 240
tttctttacc aacggtttga ctottggcgc gaagaaatgc tcagtgatca gagatagtct 300
atacgtcgat ggtgactgca caatggacat cgggacaaag agtcaagggt gggagccaac 360
atacaatgtg gctgtcggca gagctggtag agcattgggt atagtcattg gaaaggaagg 420
tgtccacgga ggcacactta acaagaaaag atatgaactc gctttatacc tgaggaggtc 480
tgatgtgtaa gcagcctctc cccatctacc tagcaactgt cttcatcaac aaccctaatt 540
atggtcacia tgctaccaa ctgtagatgg tagctaattt ttctttacct attttctaatt 600
gtcatgatcc ctgtttgccc aatggatcat ttgtatgtta accactgtat gtaaccaacc 660
cttatctggc aacataattg cagcacaata atgatttgca tgataccttg aaattggggg 720
gagggggcat gccaaagtgg gcatcacttt gtcttagcaa ttaatgggat attgattact 780
aaaataagtt aatattaagc aaggtgcggg ttgtacaatc tctgatcagt gtcttttcag 840
cactttcgga atttacttgg ctcatattag ctctcttttg tagcgcattg ttgggaggaa 900
aaagtgcatt catcattctt tcaactctct ctctttcccg cccccccctc ccttcgcaca 960
taggcatttg gtttgcttcc atcttttttt atgcagtgcg tgtttttttt taaccaatta 1020
aaatcccttt tgttgatgag ctattgagag ctgcagtagt ttgcttttag tattgttgtt 1080
gcacttgagc agagacaaac cttttatcat agtgtctaca ggacatatga agagtgcaat 1140
ggcaaaaaca gagcaaaaag cacttctctc catgacctta cagtaaccat actgattgaa 1200
tccccaggga cattccatca ttgcaatagg tcagattttt cttccttttt ctttgcacac 1260
cagctctact ctttagtaaa attgtaaaa gctgccaata tggacattag gtatcccaac 1320

```

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```

cttagatgtg gctcttttggg gagataatct tgtccagaga cctttctaac gtattcatgc 60
cttgattttg tacagcatta atctggtaat tgattatttt aatgtaacct tgctaaagga 120
gtgattttct tttcctttct taaagaggag gaacaagaag atgaggaaga aatcgatggt 180
gtttctgtgg aaaagaggca ggctcctggc aaaaggctcag agtctggatc acctctgct 240
ggaggccaca gcaaacctcc tcacagccca ctggctctca agagggtgcc cgtctccaca 300
catcagcaca actacgcagc gctccctccc actcggaagg actatcctgc tgccaagagg 360
gtcaagttgg acagtgtcag agtcctgaga cagatcagca acaaccgaaa atgcaccagc 420
cccaggctct cggacaccga ggagaatgtc aagaggcgaa cacacaacgt cttggagcgc 480
cagaggagga acgagctaaa acggagcttt tttgccctgc gtgaccagat cccggagttg 540
gaaaacaatg aaaaggcccc caaggtagtt atccttaaaa aagccacagc atacatcctg 600
tccgtccaag cagaggagca aaagctcatt tctgaaggag acttggtgct gaaacgacga 660
gaacagttga aacacaaact tgaacagcta cggaactctt gtgcgtaagg aaaagtaagg 720
aaaacgattc cttctaacag aaatgtcctg agcaatcacc tatgaacttg tttcaaatgc 780
atgatcaaat gcaacctcac aaccttggct gagtcttgag actgaaagat ttagccataa 840
tgtaaaactgc ctcaaattgg actttgggca taaaagaact tttttatgct taccatcttt 900
tttttttctt taacagattt gtatttaaga attgttttta aaaaatttta agatttacac 960
aatgtttctc tgtaaatatt gccattaaat gtaataaact ttaataaaac gtttatagca 1020
gttacacaga atttcaatcc tagtatatag tacctagtat tataggtagt ataaacccta 1080
atttttttta tttaagtaca ttttgctttt taaagttgat ttttttctat tgtttttaga 1140
aaaaataaaa taactggcaa atatatcatt gagccaaaaa gaaaaaaaaa gaaaaaaaaa 1200
gaagaaaagg gagggggggg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 538 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

ccaggagggt gtgaggggga gaatgttctt ttggccactg tgaagcctca ggaagggggt 60

```



hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

ctttaaccag	ttattttacag	tgtgctcatt	cgttcagaaa	ttagatacaa	aatctcaaga	60
cctgttacta	ctgattttat	taaatcagag	tctttaattc	ttgcatgttt	gtatctaatt	120
tctgaacgaa	tgagcacact	ttaaccagtt	atttacagtt	acctttttcc	tttaaccgga	180
ttgtgaaagc	ttcatgtatt	ttaatttaga	ttctgtgttt	ttaagggttc	tgagcatgaa	240
gctggcagat	agtcggcagg	actcattttt	tcatcatggc	tggctgattt	ctccatagat	300
tgataacagt	atthttgttat	cttgcttctc	tgtagtthttg	catcagctgt	ttacttttga	360
gctgagttag	gggagagggg	ttaaagagaaa	gaaacttaag	ttttctttca	cagaactcca	420
ccattgtggg	ctttgagaga	gccctaaagc	attgtacctt	gtggtagcta	gtgacttcca	480
accaaagcct	ttgagtatgc	actaaatagg	tgagaagaaa	ggagagaagg	tttttaggtt	540
agaaaccttt	aaccgataga	aggatatggg	atgttgtaaa	gctggaacca	agtttgcat	600
tttgagggtc	tgagatgaag	ggaagactct	taccagatag	taagacagct	gagttttcct	660
cagttttctc	gtcttaacac	tagtggacaa	ttctagcatt	ttggttgagg	gatttcagag	720
ttaacctcat	ggaattcagg	atthtttttag	aagtttgctt	ttggttttat	cttgggtttt	780
agtaatcatg	ttggctggtc	tggtcacagg	tgactgtgaa	acagatgccc	tggtcttgct	840
ttcatcactc	taggatcatg	aagtgcctatg	ctatttcctg	gttatgaata	tttaagggttgg	900
aattacattt	ttattgattg	tttgatcag	agctcagttc	ctgtagaaaa	cgaactgtaa	960
aagaccatgc	aagaggcaaa	ataaaacttg	aagtgaatgc	taaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	1020
aaaaa						1025

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1219 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

gcggaaagtg	agagccagca	gcaaaaaacta	catttttgcaa	cttgttggtg	tggatctatt	840
ggctgatcta	tgccctttcaa	ctagaaaatt	ctaattgattg	gcaagtcacg	ttgttttccag	900
gtccagagta	gtttctttct	gtctgcttta	aatggaaaca	gactcatacc	acacttacaa	960
ttaaggtcaa	gcccagaaag	tgataagtgc	agggaggaaa	agtgcagtc	catttatgtaa	1020
tagtgacagc	aaagggacca	ggggagaggc	attgccttct	ctgcccacag	tctttccgtg	1080
tgattgtctt	tgaattctgaa	tcagccagtc	tcagatgccc	caaagtttcg	gttccctatga	1140
gcccggggca	tgatctgac	cccaagacat	gtggaggggc	agcctgtgcc	tgcccttctg	1200
tcagaaaaag	gaaaccacag	tgagcctgag	agagacggcg	attttcgggc	tgagaaggca	1260
gtagttttca	aaacacatag	ttaaaaaaga	aacaaatgaa	aaaaatttta	gaacagtcca	1320
gcaaattgct	agtcaggggtg	aattgtgaaa	ttgggtgaa	agcttaggat	tctaattcca	1380
tgttttttcc	ttttcacatt	tttaaaagaa	caatgacaaa	cacctactta	tttttcaagg	1440
ttttaaaaca	gtctacattg	agcatttgaa	aggtgtgcta	gaacaaggtc	tcttgatccg	1500
tccgaggctg	cttcccagag	gagcagctct	ccccaggcat	ttgccaaggg	aggcggattt	1560
ccctggtagt	gtagctgtgt	ggctttccct	cctgaagagt	ccgtgggtgc	cctagaacct	1620
aacaccccc	agcaaaactc	acagagcttt	ccgttttttt	ctttcctgta	aagaaacctt	1680
tcctttgaac	ttgatattgc	atggatcaaa	gaaattccga	acagcctgcc	tgtccccccg	1740
ccctttttac	atatatttgt	ttcattttctg	cagatggaaa	gttgacatgg	gtgggggtgc	1800
cccatccagc	gagagagttt	caaaagcaaa	acatctctgc	agtttttccc	aagtacctgt	1860
agatacttcc	caaagccctt	atgtttaatc	agcgatgtat	ataagccagt	tcacttagac	1920
aacttttacc	ttcttgtcca	atgtacagga	agtatttcta	aaaaaaatgc	atattaattt	1980
cttcccccaa	agccggattc	ttaattctct	gcaacacttt	gaggacattt	atgattgtcc	2040
ctctgggcca	atgcttatac	ccagtggagga	tgctgcagtg	aggctgtaaa	gtggccccct	2100
gcggccctag	cctgacccgg	aggaaaggat	ggtagattct	gttaactctt	gaagactcca	2160
gtatgaaaat	cagcatgccc	gcctagttac	ctaccggaga	gttatcctga	taaaattaacc	2220
tctcacagtt	agtgtacctg	tccttttaac	accttttttg	tggggttctc	tctgaccttt	2280
catcgtaaa	gtctggggac	cttaagtgat	ttgcctgtaa	ttttggatga	ttaaaaaatg	2340
tgtatatata	ttagctaatt	agaaatatcc	tacttctctg	ttgtcaaaact	gaaattcaga	2400
gcaagttcct	gagtgcgtgg	atctgggtct	tagttctggg	tgattcactc	aagagttcag	2460
tgctcatac	tatctgctca	ttttgacaaa	gtgcctcatg	caaccgggcc	ctctctctgc	2520
ggcagagtc	ttagtggagg	ggtttacctg	gaacattagt	agttaccaca	gaatacggaa	2580
gagcagggtg	ctgtgctgtg	cagctctcta	aatgggaatt	ctcaggtagg	aagcaacagc	2640
ttcagaaaag	gtcmetaata	aattggaaat	gtgaatcgca	gctgtgggtt	ttaccaacct	2700
ctgtctcaga	gtcccaggac	cttgagtgtc	attagttact	ttattgaagg	tttttagacc	2760
atagcagctt	tgtctctgtc	acatcagcaa	tttcagaacc	aaaagggagg	ctctctgtag	2820
gcacagagct	gcactatcac	gagcctttgt	ttttctccac	aaagtatcta	acaaaaccaa	2880
tgtgcagact	gattggcctg	gtcattgggt	tccgagagag	gaggtttgcc	tgtgatttcc	2940
taattatcgc	tagggccaag	gtgggatttg	taaagcttta	caataatcat	tctggataga	3000
gtcctgggag	gtccttgcca	gaactcagtt	aaacttttga	agaatatttg	tagttatctt	3060
agaagatagc	atgggaggtg	aggattccaa	aaacatttta	tttttaaaat	atcctgtgta	3120
acacttggtc	cttgggtacc	gtgggttagc	atcaagttct	ccccagggtg	gaattcaatc	3180
agagctccag	tttgcatttg	gatgtgtaaa	ttacagtaat	cccatttccc	aaacctaaaa	3240
tctgtttttc	tcatacagact	ctgagtaact	ggttgctgtg	tcataacttc	atagatgcag	3300
gaggctcagg	tgatctgttt	gaggagagca	ccctaggcag	cctgcaggga	ataacatact	3360
ggcogttctg	acctgttgcc	agcagataca	caggacatgg	atgaaattcc	cgtttccctct	3420
agttttcttcc	tgtagtactc	ctctttttag	tcttaagtct	cttacaaaag	ctttgaatac	3480
tgtgaaaaatg	ttttacattc	catttccattt	gtgttggttt	tttaactgca	ttttaccaga	3540
tgttttgatg	ttatcgctta	tgttaaatgt	aattcccgta	cgtgttcatt	ttattttcat	3600
gctttttcag	ccatgtatca	atattcactt	gactaaaatc	actcaattaa	tcaataaaaa	3660
aaaaaaaaaa						3670

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1025 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

tcacagaatt	cacatgccgt	tctttgttct	gtagattcgc	ccagtttcag	cctgacttct	1980
tattcagaga	cttgtcatgg	catttcacaa	ataccgcagg	tgcctttcct	ttctgcaaat	2040
gagacacttt	ctccctagaa	cagaagatca	cctttttctg	agtctctcct	gctttttactc	2100
tgatcttctg	aatggcgaag	ccgggactgc	tccaccagtc	tgaccagcta	aagtatgaat	2160
cactcttcca	tttgagcttc	aacatgagta	gttctccaat	atctacctct	gtgtaaatta	2220
ggaaggagta	ggtcttattt	gtggaaactt	caggcagagt	gaatgggatg	ttctcactct	2280
cggccacggt	gccatacaga	gaaatctcaa	aggcctgatt	ggtaggggtt	tcactctcag	2340
tcccagaaaa	atgaatcttt	acttggtaat	ggaagacttt	gtagggcatc	tgagaacgag	2400
tcttcaggta	cattttgctg	cttcttttgg	ctctgacttt	attgatctca	tagcccagat	2460
tggtgcagcg	gttcttttcta	caactcaagc	agagcccttt	ctcaaaggct	tccttggaac	2520
tgcacctgta	ggccttactt	ggattttctt	cattcaacag	agagtcgatg	aagagatgaa	2580
tggagcgctc	gtgggagcac	ttcactagct	ggtccacatc	tccaagtcct	ctctctgcaa	2640
tcacgcggat	agcttctcca	atgttacatc	ctggtgaaa	agtacctcca	ttcgggtaaa	2700
tgtcaacatg	cccaactggg	ttctggattc	caatgcttcg	accaggggac	cctctggtga	2760
atgtgtgtaa	gacgtctaca	aaatctgcat	catcaggaga	aagacgactc	ggggcttctg	2820
catactcaaa	gttaggtcca	gctggatcga	ggccagtaat	tctgttgaac	tttcttattg	2880
gtcagacttc	ctgcaatgcc	agcagcatgg	gctccaaggc	tgtatcccaa	gagatggac	2939

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1292 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

gcctcgccat	gacgcgcgcc	aatgccaccg	aagcctccaa	gcccccaaggc	acaacgggtgt	60
gtcctccctg	tgacaacgag	ttgaaatctg	aggccatcat	tgaacatctc	tgtgccagcg	120
agtttgcact	gaggatgaaa	ataaaaagaag	tgaaaaaaga	aaatggcgac	aagaagattg	180
tccccaagaa	gaagaagccc	ctgaagttgg	ggcccatcaa	gaagaaggac	ctgaagaagc	240
ttgtgctgta	cctgaagaat	ggggctgact	gtccctgcca	ccagctggac	aacctcagcc	300
accacttctt	catcatgggc	cgcaagggtga	agagccagta	cttgctgacg	gccatccaca	360
agtgggacaa	gaaaaacaag	gagttcaaaa	acttcatgaa	gaaaatgaaa	aaccatgagt	420
gccccacctt	tcagtcctgt	tttaagtgat	tctccccggg	gcagggtggg	gagggagcct	480
cgggtggggg	gggagcgggg	gggacagtgc	cccgggaacc	cgggtgggtca	cacacacgca	540
ctgcgcctgt	cagttagtga	cattgtaatc	cagtgcgctt	gttcttgacg	cattcccgtt	600
cccttccctc	catagccacg	ctccaaaccc	cagggtagcc	atggccgggt	aaagcaaggg	660
ccatttagat	taggaaggtt	tttaagatcc	gcaatgtgga	gcagcagcca	ctgcacagga	720
ggaggtgaca	aaccatttcc	aacagcaaca	cagccactaa	aacacaaaaa	gggggattgg	780

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2939 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

tttttttttt	ttttttttgt	ggtaataaaa	tgttggtcaat	tttattaaaa	gctgattcca	60
ttttttcaca	cagtttaagta	cgtttctttc	ttgtttttgtt	aaagcccatt	tcataagagt	120
gagtttggtc	tgtgagacca	tcactgataa	agacacatac	agtttagcacc	acacatttat	180
aaatgcagat	agccacaatg	acctttccaa	tatgtacaag	ctccattttac	acatccacac	240
atgtattttac	agctaataaa	taaaatgtaa	agccagaaca	tccttgatat	atataacaaa	300
gttttttcgga	gccagagttc	ccagtgcctat	gtgctgcttt	agtgaatctt	ttaagttaat	360
gcaccctggg	tcacaaccca	aatccagaaa	tttaaatgaat	taataaaggg	gatgcccaaca	420
acaaatcata	catcatttta	tttttagaga	gaattcattc	caagcctgat	gatgttaatc	480
acaacattgg	tctactattt	tataggcagc	atcatctctc	tcagagaaa	ggtcgaagtt	540
ctggcacatc	aggaacaatt	tctactccga	catgtttccaa	tacatccctt	gatcgactgt	600
tttcccttcc	gaattatgct	gaaggacaac	acacatgcag	agctttctag	tatgtgttca	660
gatatcacat	acttttcacag	tcgggttccc	agctatagcc	tctgagatat	ttgacatctt	720
tatcattttca	tattttatacg	tagaagagca	ttctgaaaaa	taggagatct	agttttataaa	780
tagttgttca	ctcactcttg	attagttgtt	aaaaacaaca	aatagcaacc	ctcatggtac	840
tccatctggc	tcattgcacg	cgatggttta	caagcactgc	ttaggaatcc	accccaggaa	900
cctctccacc	cttttactta	gtaaaaacgg	tccttgctca	aaatctgtag	aagctcacac	960
aatgcaaaat	ttgaactcaa	acctatcttt	tcatgtcaaa	gccaggaaca	aaagagacgc	1020
actggaagta	caactgaagc	atgaccaagg	taagcctaaa	actgaagagt	aactgtcaga	1080
tattgaatga	ttttaaattg	atgaaaatca	tttgaggaaat	ctaataataa	aattacggtt	1140
tctttttttt	tttctgcacc	attcaaatta	tgtgtcagct	gaggattaca	ggctcatttt	1200
caacacctac	ccagagaaca	ttattataat	ataatcttga	gacaaaaaag	aagggggaga	1260
gagggattaa	gcaataaacg	ataaagccta	ttaagaatta	attgatctag	attttatatc	1320
tccttgaatt	tgttaactttg	tcatgatgca	ggccaatggt	agggactgtt	taaaacctct	1380
tggtttatca	gaccttttct	tcgtccctct	ccaagttaca	tgttctgtgt	tgacgtctgg	1440
accacattcc	aatagcaaga	gggaatcatt	ctaaaacatc	attcatactg	ctgtgtagat	1500
gagtctgatt	cgtgcgcggg	aaaagcattt	tctgtattct	tggagactta	gagtaaagtt	1560
tgagaaggcc	tcagtcgcga	agatccagaa	ttccaattaa	aataggaggt	tctaaccaat	1620
tataggctat	ggcccaatac	gccacatgaa	ggagccttat	tttactctgc	gctcaaacaa	1680
ttattttctt	ctcaaaaggac	aaaacagcac	ttttcatgat	ccactgtctt	ttaacgttgg	1740
aggatgtgct	attttggccac	tatacccatc	aaattgaatt	agccactttt	tagtgcttga	1800
gactgtctcc	taaaaataact	aacaagggtg	gggctgggat	taatatccag	gaaaatccac	1860
ttttgaaaca	ccccaaacac	tgggtatggt	ttgtaaaaag	tacttccctc	acttcattct	1920

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

acccacggggg	ctgccctccc	ctgcgcactc	ccctcgcgtgc	ccggggcccg	agcgcagtg	60
ggccgcacag	attcacaatg	ttgaaagccc	ttttcctaac	tatgctgact	ctggcgctgg	120
tcaagtcaca	ggacaccgaa	gaaaccatca	cgtacacgca	atgcactgac	ggatatgagt	180
gggatccctgt	gagacagcaa	tgcaaagata	ttgatgaatg	tgacattgtc	ccagacgctt	240
gtaaagggtgg	aatgaagtgt	gtcaaccact	atggaggata	cctctgcctt	ccgaaaacag	300
cccagattat	tgtcaataat	gaacagcctc	agcaggaaac	acaaccagca	gaaggaacct	360
cagggggcaac	caccgggggtt	gtagctgcca	gcagcatggc	aaccagtggg	gtgttgcccg	420
gggggtggttt	tgtggccagt	gctgctgcag	tcgcaggccc	tgaaatgcag	actggccgaa	480
ataactttgt	catccggcgg	aaccagctg	acccctcagc	cattccctcc	aacccttccc	540
accgtatcca	gtgtgcagca	ggctacgagc	aaagtgaaca	caacgtgtgc	caagacatag	600
acgagtgcac	tgacgggacg	cacaactgta	gagcagacca	agtgtgcac	aatttacggg	660
gatacctttgc	atgtcagtgc	cctcctggat	atcagaagcg	aggggagcag	tgcttagaca	720
tagatgaatg	taccatccct	ccatattgcc	accaaagatg	cgtgaataca	ccaggctcat	780
tttattgcca	gtgcagtcct	gggtttcaat	tggcagcaaa	caactatacc	tgcttagata	840
taaatgaatg	tgatgccagc	aatcaatgtg	ctcagcagtg	ctacaacatt	cttggttcat	900
tcattctgtc	gtgcaatcaa	ggatatgagc	taagcagtga	caggctcaac	tgtgaagaca	960
ttgatgaatg	cagaacctca	agctacctgt	gtcaatatca	atgtgtcaat	gaacctggga	1020
aattctcatg	tatgtgcccc	cagggatacc	aagtgggtgag	aagtagaaca	tgtcaagata	1080
taaatgagtg	tgagaccaca	aatgaatgcc	gggaggatga	aatgtgttgg	aattatcatg	1140
gcggcttccg	ttgttatcca	cgaaatccct	gtcaagatcc	ctacattcta	acaccagaga	1200
accgatgtgt	ttgcccagtc	tcaaattgcca	tgtgccgaga	actgccccag	tcaatagtct	1260
acaaatacat	gagcatccga	tctgataggt	ctgtgccatc	agacatcttc	cagatacagg	1320
ccacaactat	ttatgccaac	accatcaaat	cttttctggat	taaatctgga	aatgaaaatg	1380
gagagttcta	cctacgacaa	acaagtccctg	taagtgcatt	gcttgtgtct	gtgaagtcat	1440
tatcaggacc	aagagaacat	atcgtggacc	tggagatgct	gacagtcagc	agtataggga	1500
ccttccgcac	aaagctctgtg	ttaagattga	caataatagt	ggggccattt	tcatttttagt	1560
cttttctaag	agtcaaccac	aggcatttaa	gtcagccaaa	gaatattggt	accttaaagc	1620
actattttat	ttatagatat	atctagtgc	tctacatctc	tatactgtac	actcaccat	1680
aattcaaaca	attacaccat	ggtataaagt	gggcatttaa	tatgtaaaga	ttcaaagttt	1740
gtctttatta	ctatatgtaa	attagacatt	aatccactaa	actggtcttc	ttcaagagag	1800
ctaagtatac	actatctggg	gaaacttgga	ttctttccta	taaaagtggg	accaagcaat	1860
gatgatcttc	tgtgggtgctt	aaggaaaactt	actagagctc	cactaacagt	ctcataagga	1920
ggcagccatc	ataaccattg	aatagcatgc	aagggttaaga	atgagttttt	aactgctttg	1980
taagaaaatg	gaaaagggtca	ataaagatat	atttctttag	aaaatgggga	tctgccatat	2040
ttgtgttggg	ttttattttc	atatccagcc	taaagggtgg	tgtttattat	atagtaataa	2100
atcattgctg	tacaatatgc	tggtttctgt	agggtatttt	taattttgtc	agaaatttta	2160
gattgtgaat	attttgtaaa	aaacagtaag	caaaattttc	cagaattccc	aaaatgaacc	2220
agatatcccc	tagaaaatta	tactattgag	aaatctatgg	ggaggatatg	agaaaataaa	2280
ttccttctaa	accacattgg	aactgacctg	aagaagcaaa	ctcggaataa	ataataacat	2340
ccctgaattc	aggacttcca	caagatgcag	aacaaaatgg	ataaaaaggta	tttcaactgga	2400
gaagtgttaa	ttcttaagta	aaatttaaat	cctaacactt	cactaattta	taactaaaat	2460
ttctcatctt	cgtacttgat	gtcacagag	gaagaaaatg	atgatgggtt	ttattcctgg	2520
catccagagt	gacagtgaac	ttaagcaaat	taccctccta	cccaattcta	tggaaatattt	2580
tatacgtctc	cttggtttaa	atgtcactgc	tttaactttga	tgtatcatat	ttttaaataa	2640
aaataaataat	tccttttaga					2659

- (A) LÄNGE: 1036 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

gccggccgcc	ctttttaacc	cccttccctt	cccttttttc	tgttgctgaa	tgatatttta	60
ttagcttgat	aattttgggc	tgcccttagc	attaataagc	ttcagcacta	gtcacaagac	120
tttcattcac	tgggtggggaa	actttcttgt	tttaaaaaat	gcaattcaag	aaagggcacc	180
tattttcttg	gggctgcggg	gacagcaggg	ttctcttcac	gggtgatggg	aatgggtggc	240
tcaggggccag	agacctgttt	cccttggtcca	ttcacagtga	ggaccccatc	agatgacagg	300
gatgaagtaa	tgggtgagagg	gtctacatca	gctgggatcc	ggtatttccct	gtggaactcc	360
ctggagatga	aaccatgttc	atcctggcgc	tcttcattgt	ttccatgcac	ctcaatcaca	420
tctcccaaca	ccttaacttt	gagttccctc	ggggagaagt	gcttcacatc	caggttgaca	480
gagaacctgt	ccctctccag	gcgcattctc	gagagtccag	tgtcaaacca	gctgggtgcc	540
cgcagggaagg	aggggtggccg	aaggtagaag	ggactcaggg	aagtagacgt	cgggaaaaga	600
tcagactcca	acaggtgttc	tccgaagaac	tgggtcaaaga	ggcggctggg	ggagtggaaa	660
ggaaagaagg	ggcggcggat	ccagggtggg	tggatggcga	tgtccatggg	ggctaggtga	720
gtgtgagggg	tcagctggcc	tggtcagctc	cttcagctgc	agctacagcc	agcccccatt	780
atatgcagtc	ttgtgaagct	tctggaatgg	tgatgtcagg	ggttttatta	tcttagctca	840
ccagcagttc	atggagactt	gtgatccggg	atctggcaat	gtgacacata	cccagtaact	900
actgagctaa	gaaaagagag	acacaaacac	gtctgagccg	gccagtgaat	tgctatggtc	960
ttgtttcact	agctttctgt	ccacacccaa	tggcaccacc	ccccaccctt	gttctctgaa	1020
gctggtagac	agtcag					1036

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 2659 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STrang: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

agaaaatagt	ttcaagcaga	ccatagccaa	gatcaacttc	aaagtttttag	attcagaaat	60
ggtggctggt	gtgacggaca	aatgggtcccc	gtggacctgg	gccagctctg	tgagggtctt	120
acccttccac	ccgaaggaca	tcattgggggc	attcagccac	tcagaaatgc	agatgattaa	180
ccaatactgc	aaagacactc	ggcagcaaca	tcagcaggga	gatgaatcac	agaaaatgag	240
aggggactat	ggcaagttaa	aggccctcat	caatagtcgg	aaaagtagaa	acaggaggaa	300
tcagttgcca	gagtcataat	attttcttat	gtgggtctta	tgcttccatt	aacaaatgct	360
ctgtcttcaa	tgatcaaaatt	ttgagcaaaag	aaacttgtgc	tttaccaagg	ggaattactg	420
aaaaagggtga	ttactcctga	agtgaagtttt	acacgaactg	aaatgagcat	gcatttttctt	480
gtatgatagt	gactagcact	agacatgtca	tggtcctcat	ggtgcatata	aatatatttta	540
acttaaccca	gaatttttat	atatctttat	tcaccttttc	ttcaaaatcg	atatggtggc	600
tgcaaaacta	gtattgtttgc	atccctcaat	tgaatgaggg	ccatatccct	gtggtattcc	660
tttctctgctt	tggggctttta	gaattctaat	tgctcagtgt	tttgtatatg	aaaacaagtt	720
ccaaatccac	agctttttacg	tagtaaaagt	cataaatgca	tatgacagaa	tggtctatcaa	780
aagaaataga	aaaggaagac	ggcattttaaa	gttggtataaa	aacacgagtt	attcataaag	840
agaaaatgat	gagttttttat	ggttcctaatg	aaatatgttg	gggtttttttt	aagattgtaa	900
aaataatcag	ttactgggtat	ctgtcactga	cctttgttttc	cttatttcagg	aagataaaaa	960
tcagtaacct	accccatgaa	gatattttggt	gggagttata	tcagtgaagc	agtttggttt	1020
atattcttat	gttatccact	tccaaacaaa	agcacttact	tttttttgaa	gttatttaaat	1080
ttatttttaga	ctcaaagaat	ataatcttgc	actactcagt	tattactgtt	tgttctcttta	1140
ttccctagtc	tgtgtggcaa	attaaacaat	ataagaagga	aaaatttgaa	gtattagact	1200
tctaaataag	gggtgaaatc	atcagaaaga	aaaatcaaaag	tagaaactac	taattttttta	1260
agaggaattt	ataacaaata	tggctagttt	tcaacttcag	tactcaaatt	caatgattct	1320
tcctttttatt	aaaaccagtc	tcagatatca	tactgatttt	taagtcaaca	ctatatattt	1380
tatgatcttt	tcagtgtgat	ggcaagggtgc	ttgttatgtc	tagaaagtaa	gaaaaacata	1440
tgaggagaca	ttctgtcttt	caaaaggtaa	tggtacatac	gttcactggt	ctctaaggtg	1500
aaaagtagta	aattttgtga	tgaataaaat	aattatctcc	taattgtatg	ttagaataat	1560
tttattagaa	taatttcata	ctgaaattat	tttctccaaa	taaaaattag	atggaaaaat	1620
gtgaaaaaaaa	ttattcatgc	tctcatatat	attttaaaaa	cactactttt	gcttttttat	1680
ttacctttta	agacattttc	atgcttccag	gtaaaaacag	atattgtacc	atgtacctaa	1740
tccaaatatc	atataaacat	tttattttata	gttaataatc	tatgatgaag	gtaattaaag	1800
tagattatgg	ccttttttaag	tattgcagtc	taaaacttca	aaaactaaaa	tcattgtcaa	1860
aatttaatatg	attattaatc	agaatatcag	aatatgattc	actattttaa	ctatgataaa	1920
ttatgataat	atatgaggag	gcctcgctat	agcaaaaaata	gttaaaatgc	tgacataaca	1980
ccaaacttca	tttttttaaaa	aatctgttgt	tccaaatgtg	tataatttta	aagtaatttc	2040
taaagcagtt	tattataatg	gtttgcctgc	ttaaaaggta	taattaaact	tcttttctct	2100
tctacattga	cacacagaaa	tgtgtcaatg	taaagccaaa	accatcttct	gtgtttatgg	2160
ccaatctatt	ctcaaagtta	aaagtaaaat	tgtttcagag	tcacagttcc	ctttattttca	2220
cataagccca	aactgataga	cagtaacggg	gttttagtttt	atactatatt	tgtgctatatt	2280
aattctttct	attttcacia	ttatttaaatt	gtgtacactt	tcattacttt	taaaaatgta	2340
gaaattcttc	atgaacataa	ctctgctgaa	tgtaaaagag	aatttttttt	caaaaatgct	2400
gttaatgtat	actactgggtg	gttgattggg	tttattttat	gtagcttgac	aattcagtga	2460
cttaatatct	attccatttg	tattgtacat	aaaattttct	agaaatacac	ttttttccaa	2520
agtgtaaagt	tgtgaataga	ttttagcatg	atgaaactgt	cataatgggtg	aatgttcaat	2580
ctgtgtgaaga	aaacaaacta	aatgtagttg	tcacactaaa	atttaattgg	atattgatga	2640
aatcattggc	ctggcaaaat	aaaacatgtt	gaattcccca	aaaaaagaaa	gggaggacgg	2700
gaggggagaa	ggaagggaagg					2720

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

tgctggaggg	cctacagcac	aatccccgcg	tcagctgggt	ggtagggccc	ttcgccctgc	960
ccgctggcgg	gcagtagctg	taggagccctg	caggcccggc	gcgggggtcg	cctgctctgt	1020
ccagggagga	gctgcctcag	aactttctcc	ccgcccccaa	acctggatcg	gttccctaaa	1080
gcccagacc	tttggggctg	cagctggctg	agcgccgagg	ggctggggag	gcagtgacct	1140
tottaactga	gccacccccac	gcccctgctcc	gggcctgcct	gcctctccca	cctcctcccc	1200
agcgctgcct	gcccctctcg	gagcctgggg	tcactcagac	caccagccaa	gagccttccc	1260
ttgaagtccc	caagcaagca	ctgcaattag	gaaagagaaa	aagcagcgtg	cccagcctgg	1320
aagggcatct	gtttgccccg	ctagcaaccc	ttttatatct	agcagggctc	ttccagtcct	1380
gcagcacggg	ccccagcta	tcagcgggtg	aggcagtgct	gtggcatccc	aggctccggg	1440
cagctccgtt	ctcatgctga	aagtgggtct	ccggccttag	cacacacacc	ttgagggctct	1500
taagaaccac	attccctcat	agtagaaaagt	actagaaaaa	gcgacactgc	catcatcctc	1560
ccaaggcagg	ctgctactgc	ctttgctgac	ccccgggggtg	gcctcaagggt	ggggacaaaag	1620
ctgccaggag	ccacagcagc	cacagctggg	gctttgcacc	agcctggctt	gagactgagc	1680
agtgtgcagg	gggtgggggg	tgcaaaaaaac	aagcaaacag	gctgctgctg	cctccagctg	1740
cccaccacag	gcctgccccca	ggcacctggg	gctctgaggc	ccctggggag	gctgggcccc	1800
gcagctgccc	ctggagaaca	cagacaaaagg	acttccccgc	agggaaactgt	gcccctatgga	1860
gggatcagac	agggtctggga	acagccacag	aggctgcgtg	cctatggcac	agcccttccc	1920
ccgccgcaca	ctccccctgg	gtcctcaggc	ccacccaagc	gcggggctgc	agaggaagcg	1980
gggctgggga	ggctgcaggc	atcagagaca	ctgggtgggtg	cggacccggc	cgccgggccc	2040
cgtgctctca	ggctagccca	ggctcgtggag	gctggcaggc	tcaggtcggg	tgtgagacgt	2100
gccgtggctg	cgctcagctc	agcggggagg	agcgttccag	cccgccctcc	ccaggaagcc	2160
atatccccac	tcacccggta	agagaacctt	gtcgtccccc	ttccatgctc	tcctaggaca	2220
cgagcccagg	aaccccagac	ccagggggag	gaagggtgga	ggggccccag	gggtcaccat	2280
gtgcaccagg	ggcctgtagg	ggccggggca	ttcagctcag	ctctgaaccg	gggaagctgg	2340
cacggcaagg	actgcctcag	gtgacggggc	gtgagagggg	acgggtcagg	agccttccca	2400
agccttctcc	tcagcccgac	acccatggcc	atcggaggct	aggatgccag	acacagccat	2460
ttgcagaaat	caggcacagt	gaactgcagct	cacgtccagc	caaccaagca	tggggccgca	2520
gctcaggaag	tcccttcccc	ccacaccaca	gcctaattct	tactgggacg	gaggcaactc	2580
ggctacgctg	ggcaggacga	caaacacgag	acgccactgt	ggaatgagca	acttcggagc	2640
acgggggtgac	ttgcttggga	ccgtgccccac	gtgacagccc	cttatgcaga	ggaggaaaaga	2700
gaagccccga	gtgggagggg	aacctgtcca	aagtcacacg	gtgtgtgggt	gacacagctg	2760
gggtgagtcg	aggctggccc	ctgaggccca	tgtccctga	acgtgggaga	ccactgtcgg	2820
ctagcagcgg	ctctcaggga	aggcctgggtc	tccacccctcc	cagcctagcc	tcgcggacccc	2880
tcgtccctccc	cacatcggac	ctgctcacct	gcctggaccc	tgggctgcca	gatgcaggaa	2940
gcctcaaacc	ccccagcctc	gtgggtgcgg	ggcagggcgc	aggcagcaca	gcttagatgc	3000
cctggtttgt	ccctcttgtc	tcctgggaag	agcttgcctc	cgcccagctc	tcctgccact	3060
ggcctttcag	ggttgggctg	ggcccagagt	gccttttagt	cgtctctcac	ggtggcctga	3120
tggtcaacc	cagtcccaaa	cgggcccagt	gacactgccg	actgcacccc	agctcaggcc	3180
cccactgcac	cagcaatgct	agaaaaccaa	gccaataaaa	gtgatttctt	ttttcattaa	3240
aaaaaagaaa	aaaagagaca	gaggaagtag	atgctggccc	ggc		3293

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2720 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH



atgcttttca	gacctctctt	cgcctggcag	ctctgccctg	gctggcctgt	cctggcacag	480
ctggctgtgg	gcagtgcctt	cttcagcatt	gtggtgccc	tcttgcccc	agggctaggt	540
agcactcgca	gctctgccct	gtgtagcctg	ggctactgtg	tctggatagg	ctcagccttt	600
gcccaggctt	tgctgctagg	gtgccatgcc	tccttggg	acagactggg	tgcaggccag	660
gtcccaggcc	tcacctggg	gtcactgtg	ggaatttggg	gagtggctgc	cctactgaca	720
ctgcctgtca	ccctggccag	tgggtcttct	gggtggaact	gcacctgat	atacagcacg	780
gagctgaagg	ctttgcaggc	cacacacact	gtagcctgtc	ttgccatctt	tgtcttgttg	840
ccattgggtt	tgtttggagc	caaggggctg	aagaaggcat	tgggtatggg	gccaggcccc	900
tggatgaata	tcctgtgggc	ctggtttatt	ttctgggtgg	ctcatggggg	ggttctagga	960
ctggatttcc	tgggtgaggtc	caagctgttg	ctgttgtcaa	catgtctggc	ccagcaggct	1020
ctggacctgc	tgctgaacct	ggcagaagcc	ctggcaattt	tgcactgtgt	ggctacgccc	1080
ctgctcctcg	ccctattctg	ccaccaggcc	acccgcaccc	tcttgccctc	tctgcccctc	1140
cctgaaggat	ggtcttctca	tctggacacc	cttggaaagca	aatcctagtt	ctcttcccac	1200
ctgtcaacct	gaattaaagt	ctacactgcc	tttgtgaaaa	aaaaaaaaaa	a	1251

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3283 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

ctggcctcag	caccttccag	aactggttac	ctagtacccc	cgccacctcc	tgggggtggac	60
tcaccagttc	caggaccaca	gacaatgggtg	gggagcagac	tgccttgagc	ccccaaagagg	120
ccccgttctc	tggcatctcc	acgcccccg	atgtgtctcag	tgtaggcccc	gagcctgcct	180
gggaagccgc	agccactacc	aagggccttg	cgactgacgt	ggcgacgttc	acccaagggg	240
ccgccccagg	cagggaggac	acggggcttt	tgaccaccac	acacggcccc	gaagaagccc	300
cacgcttggc	aatgctgcag	aatgagttgg	aggggctggg	ggacatcttc	caccccatga	360
atgcggagga	gcaagctcag	ctggctgcct	cccagccccg	gccaaagggtg	ctgtcggcgg	420
aacaggggag	ctacttcgtt	cgttttaggtg	acctgggtcc	cagcttccgc	cagcgggcat	480
ttgaacacgc	ggtgagccac	ctgcagcaag	gccagttcca	agccagggac	actctggccc	540
agctccagga	ctgcttcagg	ctgattgaaa	aggcccagca	ggctccagaa	gggcagccac	600
gtctggacca	gggctcaggt	gccagtgcgg	aggacgctgc	tgtccaggag	gagcgggatg	660
ccggggttct	gtccagggtc	tgcggccttc	tcgggcagct	gcacacggcc	tacagtggcc	720
tgggtctccag	cctccagggc	ctgcccgcgc	agctccagca	gccagtgggg	cgggcgcggc	780
acagcctctg	tgaagctctat	ggcatcgtgg	cctcagctgg	ctctgtagag	gagctgcccg	840
cagagcggct	ggtgcagagc	cgcgagggtg	tgcaccaggc	ttggcagggg	ttagagcagc	900

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

ggagatgcag aggtaaaagt gtgagcagtg agtttacttt tcaaggcatc ttagctttcta 60
ttatagccac atcccttttga aacaagataa ctgagaattt aaaaataaaa aaatacataa 120
gaccataaca gccaacaggt gccaggacca ggactatagc ccaggctctc tgataccag 180
agcattacgt gagccaggta atgagggact ggaaccaggg agaccgagcg ctttctggaa 240
aagaggagtt tcgaggtaga gtttgaagga ggtgagggat gtgaattgcc tgcagagaga 300
agcctgtttt gttggaaggt ttggtgtgtg gagatgcaga ggtaaaaagt tgagcagtga 360
gttacagcga gaggcagaga aagaagagac aggagggaaa gggccatgct gaagggacct 420
tgaagggtaa agaagtttga tattaaagga gttaagagta gcaagttcta gagaagaggc 480
tggtgctgtg gccagggtga gagctgctct ggaaaatgtg acccagatcc tcacaaccac 540
ctaatacaggc tgagggtgct taagcctttt gctcacaaaa cctggcacaa tggctaattc 600
ccagagtgtg aaacttccta agtataaatg gttgtctgtt tttgtaactt aaaaaaaaaa 660
aaaaaagtgt ggccgggtgc ggtggctcac gcctgtaatc ccagcacttt gggaggccaa 720
ggtgggggga tcacaaggtc actagatgg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1251 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

gtgacccccca taggcctgag gcttgtgag gcagtgggag tggggtaagg ctctcctgatg 60
ccccctgtcc ctgccagaa cctgatggc ctcattagtc cttggctctt atcttgggaag 120
cacaggcgct gacagccgtc ccagcccttc tgtctgcggg cctgaaccaa acggtgccat 180
ggggaactgt ctgccaggg cggagtctcc cctcaactg agaactcaag tcagctggac 240
ttcgaagatg tatggaatc ttctatggt gtgaatgatt ccttcccaga tgggactat 300
gatgccaaac tgggaagcgc tgcctcctgc cactcctgta acctgctgga tgactctgca 360
ctgcctctct tcactcctac cagtgtcctg ggtatcctag ctacgagcac tgcctctctc 420

```

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

gtggggccacc	cctaatact	attgcttcct	aaaggtat	tcaccctctt	cgccctggtac	60
agccctcaca	gctcttcaga	gcaagcactg	gactacaagg	gcatggctca	caaaaggtta	120
atggatgggg	gttacctagc	cctggcta	tcccttcca	ttcccaactc	tctctctctt	180
tttgaagaaa	aatgctaagg	gcagccctgc	ctgcccctcc	catccccgc	tgtaaata	240
cactat	gatagcacac	atggggcccc	catatctctt	ggccttggtt	ttgatgtga	300
aatcctggcc	ttgggagaga	tgccctccag	gcagacacag	ctgtctggtt	caggccaagc	360
ccctttgcaa	tgcaagccct	ttctggtg	atgaagctcc	tctatgtcgt	cgttttcacc	420
agcaactggt	gaactgtccct	tcgacacgga	cctgcttga	gatttctga	cagggaaaag	480
at	at	at	at	at	at	540
at	at	at	at	at	at	600
aaagccatta	ttctctgatg	cactgtttgc	cccagtaact	cactttaaaa	cctctcttct	660
cagtgttccc	tctctccctc	cagggccact	gcttgaagaa	gaatatgtat	gttctctatct	720
tgtatgtctg	tgtgcccctc	ctgccccgaa	agtgtgact	atggggaaat	cttttagctg	780
ctgttttttag	actccaagga	gtggaaaatta	tgtggaagaa	gcaaacctga	tacaatttgc	840
ccaaggtaaa	cagtttgaaa	agacaaaatgg	gcctgccaaa	ctgtacagtt	tcttccccaa	900
gagctgttag	gtatcaaaat	gttgtccttt	ccccctccg	tgttttctg	gttgagatca	960
tgtcattgat	gaactgccaa	agtcagggga	ggagggcaga	gactttgtgt	ttacatctgc	1020
at	at	at	at	at	at	1080
aactaatgtc	agcacatg	gctaatagaca	gtggat	ttttaataa	aaaagtttac	1140
agatcaa	tgaaataaat	atgaatggag	tggtcctctt	gtctgttato	tgagttttca	1200
aaagcttta	gactctggga	acatctgatt	ttatgg			1236

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 749 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

gaagaagaga	aaaaagaggt	gatgcttcag	aatggagaga	ccccaagga	cctgaatgat	60
gagaaacaga	agaaaaatat	taaacaacgt	ttcatgttta	acattgcaga	tgggtggttt	120
actgagttgc	actccctttg	gcagaatgaa	gagcgggcag	ccacagttac	caagaagact	180
tatgagatct	ggcatcgacg	gcatactac	tggctgctag	ccggcattat	aaaccatggc	240
tatgccccgt	ggcaagacat	ccagaatgac	ccacgctatg	ccatcctcaa	tgagcctttc	300
aagggtgaaa	tgaaccgtgg	caattttctta	gagatcaaga	ataaattttct	agctcgaagg	360
tttaagctct	tagaacaagc	tctggtgatt	gaggaacagc	tgcgcggggc	tgcttacttg	420
aacatgtcag	aagacccttc	tcacccttcc	atggccctca	acaccgcctt	tgctgagggtg	480
gagtgttttg	cggaaagatca	tcagcacctg	tccaaggagt	caatggcagg	aaacaagcca	540
gccaatgcag	tcctgcacaa	agtctctgaaa	cagctggaag	aactgctgag	tgacatgaaa	600
gctgatgtga	ctcgactccc	agctaccatt	gcccgaattc	ccccagttgc	tgtgagggtta	660
cagatgtcag	agcgtaacat	tctcagccgc	ctggcaaaac	gggcacccga	acctacccca	720
cagcaggtag	cccagcagca	gtgaagatgc	agactgatac	cacctccacc	gctgagcagt	780
gaccttcctc	actttctctt	gtcccagctt	ctcccttggg	ggcctgagag	acctcacct	840
tccttctgcc	catcttccat	gttgtaaagg	aacagcccca	gtgcactggg	ggagggggagg	900
gagtgcagggg	cagtgggtgcc	cttcctgcag	aagagacatg	cagcagtagc	gctggcgcca	960
tctgcaggag	ctggcgggct	ggccttcttg	accctggctt	ctccccactg	taacgcctgt	1020
tacacacaaa	ctgttggtgg	ttcctgccag	gcttgaagaa	aatgatctga	attttttcct	1080
ccttttggtt	ttattttggt	ggtttatttt	gtgttttctt	ttctcctttt	tgggggggtat	1140
tcagagttgg	ctgggcccct	gggcgagaca	cagctacctc	tggtggcatc	tttttaatac	1200
caggaaccca	gcggtctctag	ccactgagcg	gctaaatgaa	ataaagtgga	aaaaaaaaaa	1260
aaggaaaaaa	ccaaaagcat	aaaaaaccac	agcaaatttc	ttgatgaaaa	ttgaaaaata	1320
aagtttcctt	gtatttttaa	aagggaaaaa	gaaggaaaaa	aaggagaggg	aaaaagggag	1380
gggggagagg	agt					1393

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1236 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

acagagctgg	caaaggacga	tgcggcgcca	gcacccccag	tgcagacgc	caaagcccag	240
gatagaggtg	tgcagggaga	actgggcaat	gaggagagct	tggatagaaa	tgaggagggc	300
ttggatagaa	atgaggaggg	cttggataga	aatgaggaga	gcttggatag	aaatgaggag	360
ggcttggata	gaaatgagga	gattaagcgg	gctgccttcc	agataaatctc	ccaagtgate	420
tcagaagcaa	ccgaacaggt	gctggccacc	acggttggca	aggttgcagg	tcgtgtgtgt	480
caggccagtc	agctccaagg	gcagaaggaa	gagagctgtg	tcccagttca	ccagaaaact	540
gtcttggggc	cagacactgc	ggacctgcca	cagcagaggc	agctgttgcc	ccgccggatg	600
ctggcctccc	cttgccaggc	ctaccagcag	agggtccacc	accaccaaaag	acctacgtga	660
gctgcctgaa	gagccttctg	tccagcccca	ccaaggacag	taagccaaat	atctctgcac	720
accacatctc	cctggcctcc	tgcttggcac	tgaccacccc	cagtgaagag	ttgccggacc	780
gggcaggcat	cctggtggaa	gatgccacct	gtgtcacctg	catgtcagac	agcagccaaa	840
gtgtcccttt	ggtggcttct	ccaggacact	gctcagattc	tttcagcact	tcagggtctg	900
aagactcttg	cacagagacc	agctcgagcc	ccagggacaa	ggccatcacc	ccgccactgc	960
cagaaagtao	tgtgcccttc	agcaatgggg	tgctgaaggg	ggagttgtca	gacttggggg	1020
ctgaggatgg	atggaccatg	gatgcggaag	cagatcattc	aggaggttct	gacaggaaca	1080
aggcaggctc	caaccctaag	aaggtcgacc	tcaagaagac	tgagagcttc	caaaatgccc	1140
acttagtcgg	tcggctaatt	ggcaagcagg	ggcgctatgt	gagttttctg	aagcaaacat	1200
ctggtgccaa	gatctacatt	tcaaccctgc	cttacaccca	gagcgtccag	atctgccaca	1260
tagaaggctc	tcaacatcat	gtagacaaaag	cgctgaactt	gattgggaag	aagttcaaaag	1320
agctgaacct	caccaatata	tacgtcctcc	cattgccttc	actggcactg	ccttctctgc	1380
cgatgacata	ctggctcatg	ctgcctgatg	gcacacccgt	ggaggtcatt	gtggtcaacc	1440
agggtcaatgc	cgggcacctg	ttcgtgcagc	agcacacaca	ccctaccttc	cacgcgtgc	1500
gcagcctcga	ccagcagatg	tacctctgtt	actctcagcc	tggaaatccc	accttgccca	1560
ccccagtggg	aataacggtc	atctgtgccc	ccccgtgtgc	ggacggggcc	tggtggcgag	1620
cccaagtggg	tgccctctac	gaggagacca	acgaagtggg	gattcgatac	gtggactacg	1680
gcggatataa	gagggtgaaa	gtagacgtgc	tccggcaaat	caggtctgac	tttgtcacc	1740
tgccgtttca	gggagcagaa	gtccttctgg	acagtgtgat	gccccgtgca	gacgatgacc	1800
agttttcacc	ggaagcagat	gccgccatga	gcgagatgac	ggggaatata	gcactgcttg	1860
ctcaggtgac	aagttacagt	ccaactggtc	ttcctctgat	tcagctgtgg	agtgtgcttg	1920
gagatgaagt	ggtgttgata	aaccggtccc	tggtggagcg	aggccttgcc	cagtggttag	1980
acagctacta	cacaagcctt	tgacccccat	gctgcttctc	gagagtcttt	ttttgcaactg	2040
ttgaaattgg	gcttggcact	caagtcaaag	atgaacatcg	gaataacaaa	cattgtctctc	2100
tccagaaagt	cctttctttc	tccatactgt	agtctatttg	agaagacatt	tcgtctctga	2160
gaaaaaaggga	tggaaactatg	ggttctcttc	gcaaagccaa	aggatagtg	tttaacaagcc	2220
agctggctta	tcctggttct	cagctgtttc	aaccagattg	tcctattccc	cctgttccat	2280
tccctctctc	ttccttctat	ctccttcccc	ggcaaaaacc	aaacaaaactg	gcagacaggc	2340
cagggatgta	tggttgcctgc	ttgagagggg	ttcttttact	tcaaaaatctt	tcttcaggga	2400
gcaagacatg	aactgactaa	ttggtatcca	ctacttgtac	agcttacata	aatgagttga	2460
tgataatttaa	ccagttttta	taaacttcat	ttaggtctct	aaacacagac	tttttaaatt	2520
gcaactgtaa	atatgaaatg	gtcatcacat	ctgaccttgg	tcagtgggga	ggggaactgg	2580
tatcctgcca	agcctggttg	taatttgtaa	ccattttctc	tttgtgcaaa	ctctgtaaat	2640
atgtgtttaa	acaaatgtaa	tattttgtac	aagatacact	ggagaacaaa	gggaactcaa	2700
gattcttcca	gccacatgtc	acctgtaggt	agaagtaaac	tctgcagtgc	agcttctgct	2760
cttggccctc	ctggccaggg	ccctgtggc	ttcctgcaca	ctggacaggt	gactgtatgg	2820
tagagactgt	gatctgggaa	ctttttgctg	tacaatatctg	tttaaaaaaa	agagttgatg	2880
atatttaacc	agtttttata	aacttcattt	aggctctctaa	acacagactt	tttaaaattg	2940
caactgtaaa	tatgaaatgg	tcatcacatc	tgaccttggg	cagtggggag	gggaactggg	3000
atcctgccaa	gcctggttgt	aatttgtaac	cattttctat	ttgtgcaaac	tctgtaaaata	3060
tgtgttttaa	caaatgtaat	attttgtaac	agatacactg	gagaacaaaag	ggaactcaag	3120
attcttccag	ccacatgtca	cctgtaggtg	gaagtaaaact	ctgcagtgc	gcttctgctc	3180
ttggccctct	tggccagggc	ccctgtggct	tcttgcacac	tggacaggtg	actgtatggt	3240
agagactgtg	atctgggaac	tttttgctgt	acaaaaagta	actcattgaa	tttaacttgca	3300
gtggtgtgtt	tgattctttt	ttagactggc	ttcagcattg	tgcagtttaa	a	3360
						3411

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33 :

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1393 Basenpaare

```

aatgagaatc ttgtagaaaa tgggtgcagac tccgatgaag atgataaacag cttcctcaaaa 1260
caacaatctc cacaagaacc caagtctctg aattgggtcg gttttgtaga caacaccttt 1320
gctgaagaat tcaactactc gaatcagaaa tcccaggatg tggaactctg ggagggagaa 1380
gtggtcaaaag agctctctgt ggaagaacag ataaagagaa atcgggtatta tgatgaggat 1440
gaggatgaag agtgacaaat tgcaatgatg ctggggcctta aattcatggt agtggttagcg 1500
agccactgcc ctttgtcaaa atgtgatgca cataagcagg tatcccagca tgaaatgtaa 1560
tttacttggg agtaactttg gaaaagaatt ccttcttaaa atcaaaaaaca aaacaaaaaa 1620
acacaaaaaa cacattctaa atactagaga taactttact taaattcttc attttagcag 1680
tgatgatagc cataagtgtc gtaaggcttg taactgggga aatattccac ctgataatag 1740
ccagattctc actgtattcc caaaaggcaa tattaaggta gatagatgat tagtagtata 1800
ttgttacaca ctatttttgg attagagaac atacagaagg aatttagggg cttaaaccat 1860
acgactgaat gcacttttag ataaagggca cagtttgtat atttttaaat gaataccaat 1920
ttaatttttt agtattttacc tgttaagaga ttattttagtc tttaaatttt ttaggttaat 1980
tttcttgctg tgatatatat gaggaattta ctactttatg tcttgctctc taaactacat 2040
cctgaactcg acgtcctgag gtataatata acagagcact ttttgaggca attgaaaaac 2100
caacctacac tcttcgggtg ttagagagat ctgctgtctc ccaaataagc ttttgtatct 2160
gccagtgaat ttaactgtact ccaaatgatt gctttctttt ctggtgatat ctgtgcttct 2220
cataattact gaaagctgca atatttttagt aataccttcg ggatcactgt ccccatctt 2280
ccgtgttaga gcaaagtga gagtttaaag gaggaagaag aaagaactgt cttacaccac 2340
ttgagctcag acctctaaac cctgtatttc ccttatgatg tccccttttt gagacactaa 2400
tttttaataa cttactagct ctgaaatata ttgattttta tcacagtatt ctcaggggtga 2460
aattaaacca actataggcc tttttcttgg gatgattttc tagtcttaag gtttggggac 2520
attataaact tgagtacatt tgttgtacac agttgatatt ccaaattgta tggatgggag 2580
ggagagggtg cttaaagctg aggcctttct ttgtactgca tttatagaga tttagcttta 2640
atatttttta gagatgtaaa acattctgct ttcttagtct tacctagtct gaaacatttt 2700
tattcaataa agattttaat taaaatttga aaaaaaagga aaggggaggg ggggtggagg 2760
aaaaaaaaa gggcgggcgc cgc 2783

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3411 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

gaagctctgt tgtctcggga acatgtcttg gaattggaga acagcaaggg ccccagcctg 60
gctctcttag agggggaaga agataagggg aagagcagct catcccaggt ggtggggcca 120
gtgcaggagg aagagtatgt agcagagaag ttgccaahta ggttcatoga gtgcgctcac 180

```

gctgttttga	aaaaagctgt	acaacctgta	tgccaggaag	tcaccaactg	atgacccacc	480
agcctaattct	ggcccaaac	catgttctgt	tccgtccatg	ttctatttaa	aagcatcttg	540
aattggttgc	catcatttaa	actcaatcag	actttgaagg	catggtccag	ccacacaggg	600
cctacattcc	cacatggcaa	ctatgaaagg	gtccagccc	agcaggggct	gtcccgggtcc	660
ctgccacccc	cacttccctgt	gcctcagatc	tggcccctgt	tacgtaagat	aaggacagct	720
acaggtccct	ctgagcctaa	acccaccta	ccggactaac	atgggtgaag	atcttagctt	780
acaaagctct	ttcacatata	totatctctt	tattctcata	gtccacagat	aactgactat	840
ttggttctta	ccatcaggcc	aaacggtaag	ttccttcaga	acagggcctc	ctgctttatc	900
ccaagaagtg	ataatgtagg	tacccaagat	cca			933

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2783 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

gacttttaaaa	aaattttttac	agttatttttt	atthttgtaga	atgagctgaa	agccagtggg	60
ggcgaaatca	aaattcataa	aattggagcaa	aaggagaatg	tgccccccagg	tcctgaggtc	120
tgcattcacc	atcaggaagg	ggaaaagatt	tctgcaaattg	agaatagcct	ggcagtcctg	180
tccacccctg	ccgaagatga	ctcccgtgac	tcccagggtta	agagtgaagg	tcaacagcct	240
gtccatccca	agccactaag	tccagattcc	agagcctcca	gtctttctga	aagttctcct	300
cccaaagcaa	tgaagaagtt	tcaggcacct	gcaagagaga	cctgcgtgga	atgtcagaag	360
acagtctatc	caatggagcg	tctcttgggc	aaccagcagg	tgtttcacat	cagctgcttc	420
cggttgcctc	attgcaacaa	caaaactcagt	ctaggaacat	atgcatcttt	acatggaaga	480
atctattgta	agcctcactt	caatcaactc	tttaaatcta	agggcaacta	tgatgaaggc	540
tttgggcaca	gaccacacaa	ggatctatgg	gcaagcaaaa	atgaaaacga	agagattttg	600
gagagaccag	cccagcttgc	aaatgcaagg	gagacccctc	acagcccagg	ggtagaagat	660
gcccctattg	ctaagggggg	tgtcctggct	gcaagtattg	aagccaaggc	ctcctctcag	720
caggagaagg	aagacaagcc	agctgaaaac	aagaagctga	ggatcgccctg	gccacccccc	780
actgaacttg	gaagttcagg	aagtgccttg	gaggaaggga	tcaaaatgtc	aaagcccaaa	840
tggcctcctg	aagacgaaat	cagcaagccc	gaagtctctg	aggatgtcga	tctagatctg	900
aagaagctaa	gacgatcttc	ttcactgaag	gaaagaagcc	gcccattcac	tgtagcagct	960
tcatttcaaa	gcacctctgt	caagagccca	aaaactgtgt	ccccacctat	caggaaaggc	1020
tggagcatgt	cagagcagag	tgaagagctc	gtgggtggaa	gagttgcaga	aaggaaaaca	1080
gtggaaaatg	ccaaggcttc	taagaagaat	gggaatgtgg	gaaaaacaac	ctggcaaaaac	1140
aaagaatcta	aaggagagac	aggggaagaga	agtaagggaag	gtcatagtct	ggagatggag	1200

tggcaaaaag	aaatgaactc	ctttccttca	cctcctgccc	ttctcttacc	ttttcagtga	2160
aattccagca	tgcaagctca	gaaccaacac	attactctct	gtgcctaagt	ttcctcaatg	2220
tggttgattt	tttttttttt	ttaattttata	gagcattttcg	gggggggttg	gggaaacaca	2280
cctaaacact	ctatctccaa	gttacaaaag	tttgaggtgc	agagggaagg	ccagattttt	2340
tttttaatga	aattatatag	attagatctc	agtattttaaa	ctgttctctca	attttgtgag	2400
gctgtgttgg	aaataacccg	cctctagtgc	tgttggtatg	caaggcagcg	gtgcttaatc	2460
aatttttctt	gtgctcacca	gaggcaaaat	gtaccaatat	cctgacacca	ttctctctcc	2520
atttacttct	ggtgggttacc	ctgaactcttg	actcttagaa	gtgcccagag	tggtggctaac	2580
ctttattaaa	cagatcgcat	attatgatct	tgtctcagcc	acagtgcagc	ttcacattaa	2640
ctctacagac	caaaccattt	gtatctggca	tcacttacta	acacacgaca	tgctggctttt	2700
ctgcatcaac	tgtctatgacg	gttaagaatg	tcagtataca	agaaggaata	gaaaactgat	2760
actgttttaa	ataatctgta	atttcaattt	tttttttttt	gctgaaatac	atttatattgt	2820
acgttttgaga	taattctagt	acaaaagtata	ataaaaactag	atgtataata	aaccttttaa	2880
atcattggta	agtgtacaag	tggtggaact	gaagcattta	ctggacaaaag	taatgttact	2940
ctaattggta	ctgtctcgtg	cgttgccaca	ctgtgttata	atttgcttca	tttccttgct	3000
atttgataca	tagtgtgcat	ttctctgtca	ctgtaactat	tgtaatgaca	aatttttcac	3060
ttactgcaca	atcaaaatga	cattgatagg	aatgaactcc	agaggctggg	cctgaacagg	3120
gaggtggctg	ctcaggcctg	gtgctcagtc	gtacgacctg	tacctctcaa	cttttgccct	3180
atctgtttaa	tatatgctat	gtcattaaat	gctttttaa	ctaaaaaaa	aaaaagttgt	3240
tggtcttctt	ctgctgcgtg	tgcctgcccc	gtagggaaac	tgcaaagggg	agaaatgaca	3300
aacaagaaac	attttacaac	cagctctgggc	tcacttttgc	attttttatg	catgtctggg	3360
gcacaagctt	tgaaaactac	agcaaacagt	aataaatgtg	actgttttgt	agttataaga	3420
gagaaaaaaa	agaaaaaaga	ggaaaaaaa	agaaagaaaa	aagaagagga	ggagagaaac	3479

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 933 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

gctcctccct	tcctttctttt	tacatttttag	tcttagcatt	tactttcccc	accccacatt	60
cttggaacag	ccttttagtto	tacaggaaat	ggcactgatg	gacagaagac	tagcattacc	120
ttcatgaaag	ggctgttaga	gctgcctggg	aagaaggcgt	gccttgggga	actgggaaga	180
tgccgtcagt	gtgggtgggc	aggaggacag	ccagtcgtcc	tgtctccagc	ccaatagctt	240
ccagcggcag	gtgcccagg	gctaccggag	cccttcatag	gggtaggggc	agggaactga	300
cctcctccag	gcactcctcg	taagcctcct	ggtactcctc	atggggcttg	accattatca	360
cacaggtggg	gogcttggga	cctggggctg	cacccaggto	cgttcagagg	ggaaagaagt	420



## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2273 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

ccaggagaca	cottcggccc	agatggaagg	cttcctcaat	cggaaacacg	agtgggaggc	60
ccacaataag	aaagcctcaa	gcaggctcctg	gcacaatggt	tattgtgtca	taaataacca	120
agaaatgggt	ttctacaaag	atgcaaagac	tgctgcttct	ggaattccct	accacagcga	180
ggtccctgtg	agtttgaaag	aagctgtctg	cgaagtggcc	cttgattaca	aaaagaagaa	240
acacgtattc	aaagtaagac	taaatgatgg	caatgagtag	ctcttccaag	ccaaagacaa	300
agagaagcgg	ttcagccttt	ttggcaaaaa	gaaatgaact	cctttccttc	acctcctgcc	360
cttctcttac	cttttcagtc	aaactccagc	acgcaagctc	attgacacaa	gaacacagat	420
tcttgccgct	tccatgaac	tgacacaagt	ttaccacgat	gccaaggaga	tctttgggcg	480
tatacaggac	aaacacaaga	aactccctga	ggagcttggg	agagatcaga	acacagtggg	540
gaccttacag	agaatgcaca	ctacatttga	gcattgacatc	caggctctgg	gcacacaggt	600
gaggcagctg	caggaggatg	cagcccgcct	ccaggcggcc	tatgcgggtg	acaaggccga	660
cgatatccag	aagcgcgaga	acgaggtcct	ggaagcctgg	aagtcctctc	tggaagcctg	720
tgagagccgc	aggggtgcgc	tggtggacac	aggggacaag	ttccgcttct	tcagcatggt	780
gcgcgacctc	atgctctgga	tggaggatgt	catccggcag	atcgaggccc	aggagaagcc	840
aagggatgta	tcatctgttg	aactcttaat	gaataatcat	caaggcatca	aagctgaaat	900
tgatgcacgt	aatgacagtt	tcacaacctg	cattgaactt	gggaaatccc	tggtggcgag	960
aaaacactat	gcattctgag	agatcaagga	aaaattactg	cagttgacgg	aaaagaggaa	1020
agaaatgata	gacaagtggg	aagaccgatg	ggaatggtta	agactgattc	tgagggtcca	1080
tcagttctca	agagacgcca	gtgtggcoga	ggcctggctg	cttggacagg	agccgtacct	1140
atccagccga	gagataggcc	agagcgtgga	cgagggtggg	aagctcatca	agcggccacga	1200
ggcatttgaa	aagtctgcag	caacctggga	tgagagggtc	tctgccctgg	aaaggctgac	1260
tacattggag	ttactggaag	tgcgacagca	gcaagaggaa	gaggagagga	agaggcggcc	1320
gccttctccc	gagccgagca	cgaaggtttc	agagggaagcc	gagtcaccagc	agcagtggga	1380
tacttcaaaa	ggagaacaag	tttcccaaaa	cggtttgcca	gctgaacagg	gatctccacg	1440
gatggcagaa	acggtggaca	caagcgaaat	ggtcaacggc	gctacagaac	aaaggacgag	1500
ctctaaagag	tcagccccca	tcccctcccc	gacctctgat	cgtaaagcca	agactgccct	1560
cccagcccg	agtgcgcgca	ccttaccagc	cagaacccag	gagacacctt	cggcccagat	1620
ggaaggcttc	ctcaatcgga	aacacgagtg	ggaggccac	aataagaaaag	cctcaagcag	1680
gtcctggcac	aatgtttatt	gtgtcataaa	taaccaagaa	atgggtttct	acaaagatgc	1740
aaagaactgt	gtttctggaa	ttccctacca	cagcgagggtc	cctgtgagtt	tgaaagaagc	1800
tgtctgcgaa	gtggcccttg	attacaaaaa	gaagaaacac	gtattcaagc	taagactaaa	1860
tgatggcaat	gagtagctct	tccaagccaa	agacgatgag	gaaatgaaca	catggatcca	1920
ggctatctct	tccgccatct	cctctgataa	acacgagggtg	tctgccagca	cccagagcac	1980
gccagcatcc	agcgcgcgcg	agacccctcc	caccagcgctc	gtcaccatca	ccagcgagtc	2040
cagtcocggc	aagcgggaaa	aggacaaaag	gaaagacaaa	gagaagcggg	tcagcccttc	2100

- (A) LÄNGE: 1768 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

ctccgaggcc	aggaacgctc	cgtctggaac	ggcgcagact	tttgccatgg	gcttcacgac	60
gggcaccatt	tccagtatgt	accaaaccac	agccgtcacc	attgcaatga	tcacactgc	120
ggtggtatcc	atttcagtc	ccatctctctg	ctttcagacc	aagggtggact	tcacctcgtg	180
cacaggccctc	ttctgtgtcc	tgggaattgt	gctcctgggtg	actgggattg	tcactagcat	240
tgtgctctac	ttccaatacg	tttaactggct	ccacatgctc	tatgctgctc	tgggggccaat	300
ttgtttcacc	ctgttccctgg	cttacgacac	acagctgggtc	ctgggggaacc	ggaagcacac	360
catcagcccc	gaggactaca	tcactggcgc	cctgcagatt	tacacagaca	tcactctacat	420
cttcaccttt	gtgctgcagc	tgatggggga	tcgcaattaa	ggagcaagcc	cccattttca	480
cccgatccctg	ggtctctccct	tccaagctag	agggctgggc	cctatgactg	tgggtctgggc	540
tttaggcccc	tttccctccc	cttgagtaac	atgcccagtt	tcctttctgt	cctggagaca	600
ggtggcctct	ctggctatgg	atgtgtgggt	acttgggtggg	gacggaggag	ctagggacta	660
actgttgctc	ttggtgggct	tggcagggac	taggctgaag	atgtgtcttc	tccccgcac	720
ctactgtatg	acaccacatt	cttcctaaca	gctgggggttg	tgaggaatat	gaaaagagcc	780
tattcgatag	ctagaaggga	atatgaaagg	tagaagtgc	ttcaaggta	cgaggttccc	840
ctcccacctc	tgccacaggc	ttcttgacta	cgtagttgga	gctatttctt	ccccagcaa	900
agccagagag	ctttgtcccc	ggcctcctgg	acacataggc	cattatcctg	tattcctttg	960
gcttggcacc	ttttagctca	ggaaggtaga	agagatctgt	gcccattgggt	ctccttgctt	1020
caatcccttc	ttgtttcagt	gacatatgta	ttgtttatct	gggttaggga	tgggggacag	1080
ataatagaac	gagcaaaagta	acctatacag	gccagcatgg	aacagcatct	ccccgggct	1140
tgtcctctggc	ttgtgacgct	ataagacaga	gcaggccaca	tgtggccacc	tgctccccat	1200
tcttgaaagc	tgtctggggcc	tccttgccagg	cttctggatc	tctggtcaga	gtgaactctt	1260
gcttccctgta	ttcaggcagc	tcagagcaga	aagtaagggg	cagagtcata	cgtgtggcca	1320
ggaagttagcc	aggggtgaaga	gagactcggg	gcgggcaggg	agaatgcctg	gggggtccctc	1380
acctggctag	ggagataccg	aagcctactg	tggtactgaa	gacttctggg	ttctttccctt	1440
ctgctaacc	agggagggtc	ctaagaggaa	ggtgacttct	ctctgtttgt	cttaagttgc	1500
actgggggat	ttctgacttg	aggcccatct	ctccagccag	ccactgcctt	ctttgtaata	1560
tttaagtgcct	tgagctggaa	tggggaaggg	ggacaagggt	cagtctgtcg	ggtgggggca	1620
gaaatcaaat	cagcccaagg	atatagttag	gattaattac	ttaatagaga	aatcctaact	1680
atatcacaca	aagggatata	actataaatt	taataaaatt	tatgtctaga	agttaaaaaa	1740
aaaaaaaaaa	gtaaaaattaa	tttgtgtt				1768

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29 :

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1416 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

```

tttttaaaaca aatagtttta ttaccaaatt tgaattctaa ggaattacac atttaaagaa      60
ataacataaaa aaggccctac tagtctaaaa aagttttgga gacttttttag tgaaatgtca      120
tttcaggcct agtgggtccga atctgcccc cctgcgggtc catgcgatgc cctgctgagg      180
tctgtgaaca cagctcatga gaaaccacgg aaatggcccg aatgtgctta cgtgtgaaaa      240
tactgatact gtgattcaac agagctgttt ttcaagccag gatgcagaat gaggaatact      300
aatgaaatga cggcctttta ggttggttgc tttgaagtca agtcattcag tttgtgatta      360
gtgtttaaaa cctgaaaaat atttaataca gaataaaaac aataagctca aagtacatgt      420
ttcactataa tagacaccat attcatgaac ctgggttttg ttttggcaac acataatttt      480
tgggtttagaa gtgaacaatg aaaacggatg ttccacattc aatatcctag tctttaaaaa      540
cctatgttaa aggacagcac agtctttcaa aggaagaaaa ctatgtaagc tttattttta      600
cagtgggaagt taaactaaac cttgatctgc ctaattgctc acatctatat atatatatta      660
gtaatttata tagatgtcag caattaggca gatcaagggt tagtttaact tccactgtta      720
aaataaagct tacatagttt tcttcctttg aaagactgtg ctgtccttta acataggttt      780
ttaaagacta ggatattgaa tgtgaaacat ccgttttcat tgttcacttc taaacccaaa      840
attatgtgtt gccaaaacca aaccagggtt catgaatatg gtgtctatta tagtgaaaca      900
tgtactttga gcttattgtt tttattctgt attaaatatt ttcagggttt taaacactaa      960
tcacaaaactg aatgacttga cttcaaaaagc aacaacctta aaggccgtca tttcattagt      1020
attcctcatt ctgcactctg gcttgaaaaa cagctctgtt gaatcacagt atcagtattt      1080
tcacacgtaa gcacattcgg gccatttccg tgggtttctca tgagctgtgt tcacagacct      1140
cagcagggca tcgcatggac cgcaggaggg cagattcgga ccactaggcc tgaaatgaca      1200
tttcactaaa agtctccaaa acatttctaa gactactaag gcctttttatg taatttcttt      1260
aaatgtgtat ttcttaagaa ttcaaatttg taataaaaact atttgataaa aaattaagct      1320
tttattaatt tggtgctagt attgccacag acgcattaaa agaaaacttac tgcacaagct      1380
gctaataaat ttgtaagctt tgcatacctt aaaaaa                                1416

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:28:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

```

gtattgtaca ctgacgcgct cccactcctg tacagctgct ttgtttcttt gcaatgcatt 2460
gtatggcttt ataaatgata aagttaaaga aaactcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2517

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26 :

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1668 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

gtatgccttc agaatcacga caactgttgc atgtaacatg gatctgtota aatacccoat 60
ggacacacag acatgcaagt tgcagctgga aactggggct atgatggaaa tgatgtggag 120
ttcacctggc tgagagggaa cgactctgtg cgtggactgg aacacctgcg gcttgctcag 180
tacaccatag agcgggtatct cactctagtc accagatcgc agcaggagac aggaaattac 240
actagattgg tcttacagtt tgagcttcgg aggaatgttc tgtatttcac ttgtgaaacc 300
tacgttccct ccactttcct ggtggtgttg tctggggttt cattttggat ctctctcgat 360
tcagtccctg caagaacctg cattggggac aacaaaggaa gtagaagaag tcagtattac 420
taatatacct aacagctcca tctccagctt taaacggaag atcagctttg ccagcattga 480
aatttcacgc gacaacgttg actacagtga cttgacaatg aaaaccagcg acaagttcaa 540
gtttgtcttc cgagaaaaga tgggcaggat tgttgattat ttcacaattc aaaacccag 600
taatgttgat cactatccca aactactggt tcttttgatt tttatgctag ccaatgtatt 660
ttactgggca tactacatgt atttttgagt caatgttaaa tttcttgcac gccataggtc 720
ttcaacagga caagataatg atgtaaatgg tatttttaggc caagtgtgca cccacatcca 780
atggtgctac aagtgaactg aataatattt gactctttct gctcaaagaa tgaagctcca 840
accattgttc taagctgtgt agaagtccta gcattatagg atcttgtaat agaaacatca 900
gtccattcct ctttcatctt aatcaaggac attcccatgg agcccaagat taaaaatgta 960
ctcagggtct tttattcggg ggctccctgg tttgcattta cctcatataa agaatgggaa 1020
ggagaccatt gggtaacctt caagtgtcag aagttgttct taaagtaact atacatgttt 1080
tttactaaat ctctgcagtg cttataaaat acattgttgc ctatttaggg agtaacattt 1140
tctagttttt gtttctgggt aaaatgaaat atgggcttat gtcaattcat tggaggtcaa 1200
tgcactaact caataccaag atgagttttt aaataatgaa tattatttat tcccacaaca 1260
gaattatccc caatttccaa taagtcctat cattgaaaat tcaaatataa gtgaagaaaa 1320
aattagtaga tcaacaatct aaacaaatcc ctgggttcta agatacaatg gattcccoat 1380
actggaagga ctctgaggct ttattccccc actatgcata tcttatcatt ttattattat 1440
acacacatcc atcctaaaat atactaaagc ccttttccca tgcattggat gaaatggaag 1500
attttttttt agaattgtct agaagtotta atatgggctg ttgccatgaa ggctgcaga 1560
attgagtcac tttcttagct gcttttatcc acatagtgat ggggtactaa aagtaactgg 1620
ttgactcaga gagtcgctgt ccagctctgt attgctgcta ctctaaca 1668

```

## (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

cagagtga	aa	ccttgtgc	ct	ggtgaccaa	aa	gtccctccaa	agtgtctctc	cttctggggt	60
attcaagcc	aa	aatatctgg	g	tttccccctc	tctctattcc	ctagcaaaac	ccaatttatct		120
tccaagatag		gagatatttc		ccatccccctt	cctttgtaaa	tatctcatct	cccactggag		180
agcccaggag		cctattcctg		gcatggatgt	tctgtccaca	cttgaggctg	ggcggtgtat		240
cagacccttc		aagcagcctg		gctggggccc	aggactgagt	ctggggtcag	ctttcacggg		300
cgcttttccc		ttcgtcacca		cccaccacag	cccaccttgc	atgcattggc	agccctcca		360
ctccagcctg		agccatgtgt		gccccctgcg	gaggacccat	tcatgccaga	aagctggtaa		420
ctccctccca		gcattccctg		ggaaggagtc	agtttctgag	agtgtgaact	ttcaaggcga		480
atgatgggga		aggggttccc		agtcaccaca	gtggccccac	ctctggggcc	tgcaccagag		540
cccttctgtg		tcaaggcggg		ctgtgcaccc	atgcacacac	ctacgcacac	acaacactcc		600
gcactgcagt		atattctctg		caaagatttc	ctttaaaagc	aagcaactttt	actaattatt		660
attttgtaaa		tgtttatctt		cttctgtctt	ctccctccct	gaatttatct	tactgttgtt		720
tattgttgaa		tctgtgtgtc		agccaggaga	gcgtgtctg	gccttgaaca	tgggctggga		780
tgggaagg		tctgggagaa		gatgggcaac	aaagagccag	ggagtcattg	acatgcagc		840
gacgcagacc		ccagcagggt		cagtcccgtg	ctgccaccag	ctgtccagct	gggtgtctgg		900
aggggaagg		gcagaggagg		gtcatgtccc	ttcagctggg	ggagggggcc	agtgaactcc		960
acgtggcttt		ttcccaaagg		gagcaagagg	gaaggattgg	gcgagaaaac	aatggagagg		1020
ggacctgcga		agggaaaacag		ggagggaagt	agcgggtttg	tcagcctgct	atcacgggtg		1080
tctggctctc		ttattttaqcc		aggcgttaa	gggacagata	catcacatcc	taagtttggg		1140
aaaggccttt		gaccatgtc		atctgagcgt	ctcctccagt	agctctgaaa	gctgtggaca		1200
ccaatggcca		ggattccttc		tcccctgggt	tttgaggatc	cctgggtctt	ctgagactgg		1260
ccaggagagg		gatgtgtggg		ccagtgggtg	tgtgaaagca	ggagggggcag	ccctcctgga		1320
caagtgtgat		ccccctataa		acggctctca	ggaggttagt	gagtaggaga	ttctgccttg		1380
ttctgatgag		cctgtgcagg		ggctccaggg	gagcatgtct	tccagggggc	acagaagggt		1440
ggtgagtgtg		atcaaatcta		gtctcactcc	cacttttttag	tctcactcct	actttttgtc		1500
accacccctg		cctcctggat		cttctcccac	tttttttttc	agcttttagga	cctgggggaga		1560
tctgttgagt		caaggcagac		acccaatcct	gccccacac	tcgggggtct	ccaagagggt		1620
ggggggcaga		gtccagagc		agccctttac	cccagggtca	ggccctggaa	tctgagact		1680
cgcttttct		tggccagtgg		taacacagga	cgtgtgtgcg	catgtgcaag	tgtggatgta		1740
tgtgtgtgcg		tgtgttttgc		tcatttcttt	agggaaactg	ggagtggggg	ttggagggtg		1800
tgggcaatgg		aacttcaaat		tcaatgtcgc	ccagcagtga	ggggagtcgg	gaggtgaggc		1860
ctgtaggcca		accaattggg		ggagtctcag	cgataccacg	gtgagaagtg	gttcacccag		1920
aggggcaggg		tggggggcctc		gggcagatct	gtccctcttg	gccccctctg	cctcaaatgt		1980
ccaaaatggt		ggaggacctc		tgttccatata	ccacgcctgg	gctcttgcca	gcagtgaggt		2040
tactgtagag		ggatgtccca		agcttgtttt	ccaatcagtg	ttaaagctgt	tgaactcttc		2100
ctgtgtctgt		gttttgtttg		tgcgtgtgtg	tgagagcaca	tcagtgtgtg	caggctgtgt		2160
ttccccattt		ctctcctccc		ttcagaccca	tcattgagaa	caaagtgaag	aaatcccttc		2220
ccaccaccct		ccctgcctcc		caggccctct	gcgggggaaa	caagatcacc	cagcatcctt		2280
ccccacccca		gotgtgtatt		tatatagatg	gaaatatact	ttatatattg	tatcatcgtg		2340
cctatagcgg		ctgccaacgt		gtataaatcc	tgggtgtatg	tccttatcct	ggacatgaat		2400

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

gtccctggcg	ccctgccttt	agccgtgggg	ccccacctc	cacctctgtg	gtttcctagg	60
aatgtccagc	ctcggagacc	ttcacaaagc	cttggggagg	tgatgagtgc	tggtcctgac	120
aagaggccgc	tggggacact	gtgctgtttt	gtttcgtttc	tgtgatctcc	cggcacgttt	180
ggagctggga	agaccacact	ggtggcagaa	tcctaaaatt	aaaggaggca	ggctcctagt	240
tgctgaaagt	taaggaaatg	gtaaaacctc	cacgtgactg	tttgggtgat	cttgacctgg	300
gaagacgcct	catgggaacg	aacttggaca	ggtgttgggt	tgaggcctct	tctgcaggaa	360
gtccctgagc	tgagacgcaa	gttggctggg	tggtccacac	cctggctctc	ctgcaggctc	420
acacaccttc	caggcctgtg	gcctgcctcc	aaagatgtgc	aagggcaggc	tggtctgcacg	480
gggagagggg	agtatttttg	cgaatatatg	gaactggggc	ctcctgctcc	cagggagctc	540
cagggccctt	ctctcctccc	acctggactt	ggggggaact	gagaaacact	ttcctggagc	600
tgctggcttt	tgcacttttt	tgatggcaga	agtgtgacct	gagagtccca	ccttctcttc	660
aggaacgtag	atgtcggggt	gtcttgccct	ggggggcctt	gaacctctga	aggtggggag	720
cggaaacact	ggcatccttc	cccagcactt	gcattaccgt	ccctgctctt	cccagggtgg	780
gacagtggcc	caagcaaggc	ctcactcgca	gccacttctt	caagagctgc	ctgcacactg	840
tcttgagaca	tctgccttgt	gcctggcact	ctgccggtgc	cttgggaagg	tcggaagagt	900
ggactttgtc	ctggccttcc	cttcatggcg	tctatgacac	ttttgtgggt	atggaaagca	960
tgggacctgt	cgtctcagcc	tgttgggttt	tcttcattgc	ctcaaaccct	ggggtaggtg	1020
ggacgggggg	tctcgtgccc	agatgaaacc	atlttgaaac	tggcagcag	agtttgtcca	1080
aatgacctt	ttcaggatgt	ctcaaaagct	gtgccaaaag	tcacttttct	ttcctgcctt	1140
ctgctgtgag	ccttgagatc	ctcctcccag	ctcaagggac	aggtcctggg	tgagggtggg	1200
agatttagac	acctgaaact	gggcgtggag	agaagagccg	ttgctgtttg	ttttttggga	1260
agagctttta	aagaatgcat	gtttttttcc	tggttggaa	tgagtaggaa	ctgaggetgt	1320
gcttcaggta	tggtaacaat	aagtggggga	ttttcatgct	gaaccattca	agccctcccc	1380
gcccgttgca	cccacttttg	ctggcgtctg	ctggagagga	tgtctctgtc	cgcattcccg	1440
tgcagctcca	ggctcgcgca	gtttttctct	tctccttgga	tgttgagtct	catcagaata	1500
tgtgggtagc	gggtggacgt	gcacgggtgc	atgattgtgc	ttaaacttgg	tgtatttttc	1560
gatttgacat	ggaaggcctg	ttgctttgtc	cttgagaata	gtttctcgtg	ttccctctgc	1620
aggcctcatt	ctttgaacat	caactctgaa	gtttgataca	gataggggct	tgatagctgt	1680
ggctccctct	ccctcttgac	tacctaaaat	caatacctaa	atacagaagc	cttgggtctaa	1740
cacgggactt	ttagtttgcg	aagggcctag	atagggagag	aggtaacatg	aatctggaca	1800
gggagggaga	tactatagaa	aggagaacac	tgctactttt	gcaagccagt	gaacctgcctt	1860
ttgaggggac	attggacggg	ggcggggggc	gggggttggg	tttgagctac	agtcattgaac	1920
ttttggcgct	tactgattcc	tccaactctc	cacccacaaa	aataacgggg	accaatattt	1980
ttaaactttg	ctatttgttt	ttgggtgagt	ttccccctcc	cttattctgt	cctgagacca	2040
cgggcaaagc	tcttcatttt	gagagagaag	aaaaactgtt	tggaaaccaca	ccaatgatata	2100
ttttctttgt	aataacttgaa	atttattttt	ttattatttt	gatagcagat	gtgctatttta	2160
tttatctaat	atgtataagg	agcctaaaca	atagaaagct	gtagagattg	ggtttcattg	2220
ttaatgggtt	tgggagcctc	ctatgtgtga	cttatgaact	ctctgtgttc	tgtgtatttg	2280
tctgaattaa	tgacctggga	tataaagcta	tgotagottt	caaacaggag	atgcctttca	2340
gaaatttgta	tattttgcag	ttgccagacc	aataaaatac	ctgggtgaaa	tacaaaaaaa	2400
aaa						2403

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2517 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

caagtgtgag	ccaccacacc	tggcctggaa	ggaacctctt	aaaatcagtt	tacgtcttgt	60
atthttgtct	gtgatggagg	acactggaga	gagttgctat	tccagtcaat	catgtcgagt	120
cactggactc	tgaaaatcct	attggttcc	ttatthttat	tgagthttaga	gttcccttct	180
gggtthttat	tatgtctggc	aaatgacctg	ggthttacat	tttccctccag	ggthtagatca	240
tagatcttgg	aaactcctta	gagagcattt	tgctcctacc	aaggatcaga	tactggagcc	300
ccacataata	gatttccattt	cactctagcc	tacatagagc	tttctgttgc	tgtctcttgc	360
catgcacttg	tgcggtgatt	acacacttga	cagtaccagg	agacaaatga	cttacagatc	420
ccccgacatg	cctcttcccc	ttggcaagct	cagttgccct	gatagtagca	tgthttctgtt	480
tctgatgtac	ctthtttctc	ttcttctttg	catcagccaa	ttcccgagaat	ttccccaggc	540
aattthttaga	ggacctthttt	gggttccat	atgagccatg	tcctcaaagc	thttaaacct	600
ccttgctctc	ctacaatatt	cagtacatga	ccactgtcat	cctagaaggc	ttctgaaaag	660
aggggcaaga	gccactctgc	gccacaaagg	ttgggtccat	cttctctccg	aggthttgaa	720
agthtttcaa	ttgtactaat	aggctggggc	cctgacttgg	ctgtgggctt	tggtgggggt	780
aaagctgctt	ctagatctct	cccagtgagg	catggagggt	tttctgaatt	ttgtctacct	840
cacagggatg	ttgtgaggct	tgaaaaggct	aaaaaatgat	ggccccctga	gctctthttga	900
agaaaggtag	atgaaatatt	ggatgtaatt	tgaaaaaaag	ataaaatgtg	acttccccctg	960
ctctgtgcag	cagtcgggct	ggatgctctg	tggtcttctt	tggttccatc	tgccaccccc	1020
cagctccagg	aaccttgaag	ccaatctggg	ggactthtcag	atgthttgaca	aagagggtacc	1080
aggcaaaact	cctgctacac	atgccctgaa	tgaattgcta	aattthcaaag	gaaatggacc	1140
ctgctthttaa	ggatgtacaa	aagtatgtct	gcacgcatgt	ctgtactgta	aattthctaat	1200
ttatcactgt	acaaagaaaa	ccccttgcta	thtaatttht	tattaaagga	aaataaagtt	1260
ttgtthttgta	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaa		1304

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2403 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

gcgaggagct	ggcaccgcagc	caggggccttt	gctcaagaag	ccataaccagc	caagaattaa	60
aatctctaaa	acatcagtg	atgggtgatcc	ccactttgtt	gtggatttcc	ccctgagcag	120
actcacctgt	tgtttcaaca	ttgatgggca	gcccggggac	atcctcaggc	tgggtctctga	180
tcacagggac	tctgggtgtca	cagtgaacgg	agagttaatt	ggggcaccgc	ccccctccaaa	240
tggccacaag	aaacagcgca	cttacttgcg	cactatcacc	atcctcatca	acaagccaga	300
gagatcttat	ctcgagatca	caccgagcag	agtcattctt	gatgggtggg	acagactggg	360
gctccccctgc	aaccagagtg	tgggtggggg	gagctggggg	ctggaggtgt	ccgtgtctgc	420
caacgccaat	gtcacogtca	ccatccagg	ctccatagcc	tttgtcatcc	tcattccacct	480
ctacaaaaag	cgggcgcctt	tccagcgaca	ccacctgggt	ttctacattg	ccaacagcga	540
gggccttttcc	agcaactgcc	acggactgct	gggtcagttc	ctgaatcagg	atgccagact	600
cacagaagac	cctgcagggc	ccagccagaa	cctcactcac	cctctgctcc	ttcaggtggg	660
agagggggcct	gagggcgtcc	taacagtga	aggccaccaa	gtcccagtg	tctggaagca	720
aaggaagatt	tacaacgggg	aagagcagat	agactgctgg	tttgccagga	acaatgccgc	780
caaactgatt	gacggggagt	acaaggatta	cctggcatcc	catccatttg	acacagggat	840
gacacttgcc	caggggaatgt	ccagggagct	ctgaagctgg	cagccttaaa	gatgcaagt	900
catgaaggac	agtgatgtgg	ggaggccgtg	gggcagctct	tttcatggct	tgtacacgcc	960
tcagctcctg	gcaattagct	ggactccatg	acccacccct	ggtgcagcat	agatccgacg	1020
tctgtctggg	cgaagggtag	gggtgggtag	gggcgggaag	cctgagtgca	aatgtcattt	1080
ccctctactg	cctcttctctg	cctctcccca	ccctgcccac	atccacagag	gggagagaag	1140
ggtcatagct	aaatgcaaca	aagtctgtat	cttgtcccaa	cctgcttttc	tgttctgtta	1200
gcatatcata	aagttaagcct	ttctggtgaa	ggaaggttgc	tatgaaactt	ttttctcttg	1260
tggaaatggc	caagttagg	cactctgctt	tttgcccttac	actaatgctt	agaaagctgt	1320
cttttcagtg	gtgttgacgc	ccccagatgt	gtggccaacc	tctgctgcaa	aggaatctct	1380
tgtgagtc	aggccaccaa	tcaggcaaat	agccataca	tttgatcggt	gtaaaccatg	1440
aagtcttttc	ttgcaagacg	ttttctctct	gctgtggtat	cttgccctta	aaaattagtt	1500
ttcattaaaa	agaaatttga	ttgaaaataa	aaa			1533

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1304 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

agaagttccc aggcatacgg ccttacctgg ctacactggc aggcaacttc cgaatgcctg      60
tggtgagggg gtacctgatg tctggaggta tctgccctgt cagccgggac accatagact    120
atttgctttc aaagaatggg agtggcaatg ctatcatcat cgtggtcggg ggtgcggctg    180
agtctctgag ctccatgcct ggcaagaatg cagtcacccct gcggaaccgc aagggccttg    240
tgaaactggc cctgcgtcat ggagctgacc tggttcccat ctactccttt ggagagaatg    300
aagtgtacaa gcaggtgatc ttcgaggagg gctcctgggg ccgatgggtc cagaagaagt    360
tcagaaaata cattggtttc gccccatgca tcttccatgg tcgaggcctc ttctcctccg    420
acacctgggg gctgggtgcc tactccaagc ccataccacc tgttgtggga gagcccatca    480
ccatcccca gctggagcac ccaaccacgc aagacatcga cctgtaccac accatgtaca    540
tgagggccct ggtgaagctc ttcgacaagc acaagaccaa gttcggcctc ccggagactg    600
aggtcctgga ggtgaactga gccagccttc ggggcccaatt ccctggagga accagctgca    660
aatcactttt ttgctctgta aatttggaag tgtcatgggt gtctgtgggt tattttaaag    720
aaattataac aatttfgcta aaccattaca atgttaggtc ttttttaaga aggaaaaagt    780
cagtatttca agttctttca cttccagctt gccctgttct aggtgggtggc taaatctggg    840
cctaactctg gtggctcagc taacctctct tcttcccttc ctgaagtgac aaaggaaaact    900
cagtcttctt ggggaagaag gattgccatt agtgacttgg accagttaga tgattcactt    960
tttgccctta gggatgagag gcgaaagcca cttctcatac aagccccttt attgccacta   1020
ccccacgctc gtctagtcct gaaactgcag gaccagtttc tctgccaaagg ggaggagtgt   1080
gagagcacag ttgcccgtt gtgtgagggc agtagtaggc atctggaatg ctccagtttg   1140
atctcccttc tgccaccctt acctcaccct tagtcactca tatcggagcc tggactggcc   1200
tcaggatga gtaggggggt ggcaatgaca gctgcaggg gaaagagctt tcgcccgttg   1260
acgattttag ggggggtttc gccaccagtt ggtgtggggg gttta                      1304

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1533 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

gagaaacggt	gacccctgga	ccaaactttc	aagaaaggat	aaagattaaa	actaatggac	360
tgggtattgg	tgtaaatgaa	tcacatacaca	atatgggcaa	tggtctttca	gaggaaaggg	420
gaaacaactt	caatcacatc	agtcccattc	cgccagtggc	tcctccccga	tcagtgattc	480
aacaagcaga	agagaagctt	cacaccccg	aaaaaaggct	aatgactcct	tggaagaat	540
cgaatgtcat	gcaggacaaa	gatgcacct	ctccaaagcc	aaggctgagc	cccagagaga	600
caatatttgg	gaaatctgaa	caccagaatt	cttcacccac	ttgtcaggag	gacgagggaag	660
atgtcagata	taatatcggt	cattccctgc	ctccagacat	aaatgataca	gaaccgggtga	720
caatgatttt	catgggggtat	cagcaggcag	aagacagtga	agaagataag	aagtttctga	780
caggatatga	tgggatcctc	catgctgagc	tgggttgatg	tgatgatgag	gaggaggagg	840
atgaaggaga	agcagagaaa	cctgcttacc	accccatagc	tcccatagt	caggtgtacc	900
agccagccaa	accaacacca	cttcctagaa	aaagatcaga	agctagtctc	catgaaaaca	960
caaatcataa	atccccccac	aaaaattcca	tatctctgaa	agagcaagaa	gaaagcttag	1020
gcagccctgt	ccaccattcc	ccatttgatg	ctcagacac	tgagatggg	actgaggatc	1080
catccttaac	agctttaagg	atgagaatgg	caaagctggg	aaaaaagggtg	atctaagagt	1140
tgtaccacct	atataaacat	cctttgaaga	agaaactaag	aagcatttgc	aaatttctct	1200
tctggatatt	ttgtttattt	tttctgaagt	ccaaaaaatt	atcattacag	tgtaccatat	1260
taagccatgt	gaataagtag	tagtcattat	ttgtgaaaaa	ttcccaaaaa	gctggggaaa	1320
acaaatgtgt	aacttttcca	gttacttgac	acgattcagt	gggggaaaaac	cagcattttt	1380
tattctattg	ataccaaaag	atttctaata	agagcttggt	aaattttaaga	ataaagtatt	1440
ttaaaatata	aagagtatag	tatatctaact	ggcattgtaa	ttttgatgat	acaaagattg	1500
aaagatcata	ggaaagcatt	gcccttcctc	acagaagtat	tcaactctga	caaataaata	1560
tgtcatcctg	aattaaaaat	gccttaataa	aagtacatcc	tcttgctaaa	aa	1612

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 387 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

gggggtttcac	cccacattcg	tcaggttgggt	ttcaaaactcc	ctgacotttg	tgatcccaacc	60
cgcctctggc	ctccccaaag	tgcctgggat	taccaggcat	gagcccatca	cacccctggtc	120
aactttattt	tgattagtgt	tttctgggta	tatctttttc	catcatgtta	cttttaaata	180
atcttatctt	aatgtgtttt	ttacagactg	catgtagtgt	ggtataaatt		240
ttatccagtc	taaaaaatcc	tgtcttttaa	ctgggtgtta	gacaatttat	atttaataaa	300
attgttgaat	ttaagatgga	tgacgggtat	tggtggcggt	tcaccacttc	tggtttattct	360
cttcacagaat	tctttggatt	gttaaat				387

gggaggagat	caacagggct	ggcatggaat	ggtaccagac	gtgctccaac	aatgggctgg	360
tggcaggatt	ccagagccgc	tacttcagat	cagtgtctga	tggggagtgg	cagttttact	420
gttgctcgta	cagcaagagg	tgcccatatt	cctgctggct	aacaacagaa	tatccaggctc	480
actatggtga	ggaaatggac	atgattttcct	acaattatga	ttactatatc	cgaggagcaa	540
caaccacttt	ctctgcagtg	gaaagggatc	gccagtggaa	gttcataatg	tgccggatga	600
ctgaatacga	ctgtgaattt	gcaaagtgtt	agattttgcca	cataccaaat	ctgggtgaaa	660
ggaaaggggc	cggggacagg	aggggtgtcca	catatgttaa	catcagttgg	atctcctata	720
gaagttttctg	ctgctctctt	tcctttctccc	tgagctggta	actgcaatgc	caacttcctg	780
ggcctttctg	actagtatca	cactttcta	aaaatccaca	attaaaccat	gtttctcact	840
tttcacatgt	ttcatagcaa	ctgctttata	tgaactgatga	tggcttcctt	gcacaccaca	900
tatacagtcg	gcatgcttac	agccgggctt	ctggagcacc	agctgcagcc	tggctactgc	960
tttttactgc	agaatgaact	gcaagttcag	catagtggag	gggagaggca	gaactggagg	1020
agaggtgcag	tgaaggttct	ctacagctaa	gcctgtttga	atgatacgta	ggttccccac	1080
caaaagcagg	ctttctgccc	tgagggacat	cttcccactc	ccctgctcca	catgagccat	1140
gcatgcttag	caatccaagt	gcagagctct	ttgctccagg	agtgaggaga	ctgggaggtg	1200
aaatggggga	atggaagggt	ttggaggcag	aggtgaaac	agggttggaa	ggatttcctg	1260
aattagaaga	caaacgttag	cataccaggt	aaggaaaatg	agtgcagggg	ccaggggaac	1320
ccgtgaggat	cactctcaaa	tgagattaaa	aacaagggaag	cagagaatgg	tcagagaatg	1380
ggattcagat	tgggaacttg	tggggatgag	agtgaccagg	ttgaactggg	aagtggaaaa	1440
aggagtttga	gtcactggca	cctagaagcc	tgcccacgat	tcctaggaag	gctggcagac	1500
accctggaac	cctggggagc	tactggcaaa	ctctcctgga	ttgggcctga	tttttttggt	1560
gggaaaggct	gcccgtggga	tcaactttcc	ttctgtgtgt	ggctcaggag	ttctttctgca	1620
gagatggcgc	tatctttcct	cctcctgtga	tgtcctgctc	ccaaccattt	gtactcttca	1680
ttacaaaaga	aataaaaata	ttaacgttca	ctatgctgaa	aa		1722

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1612 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

ggccatggaa	attaaagtgt	aaaaagactt	gaagactgga	gaaagtacag	ttctgtcttc	60
aattacctct	gccatcagat	gacttttaaag	gtacaggaat	aaaagtttat	gatgatgggc	120
aaaagtcaat	gtatgcagta	agttctaatc	acagtgcagc	atacaatggc	accgatggcc	180
tggcaccagt	tgaagtagag	gaactttctaa	gacaagcctc	agagagaaaac	tctaaatccc	240
caacagagta	tcattgagcct	gtatattgcca	atccctttta	caggcctaca	acccacaga	300

attacgggttt	gaacataatt	ggagaacott	tcttccaagc	agaaacaagc	aactgagggg	240
aaaagaaaaca	caacaatagt	tttaagaaatt	tttttttttaa	ataaaaaaaaa	ggaaaagagg	300
aagactggac	aaaacaacac	aaaggcagaa	aggaaagaaa	ctgaagaaag	aagataatag	360
accagcaatt	gcagcaacta	caatcactaa	ttcccttaag	gttgaaactg	taatgacata	420
aaaaggggtcg	atgatatttc	actgatggta	gacgcagcc	cctgcaacgt	agcctttgtt	480
acatgaagtc	cgttgggaaa	tagatgttct	gtctctatga	caatatattt	taactgactt	540
tctagatgcc	ttaatatattg	catgataagc	tagttttatt	ggtttagtat	tcttgttgtt	600
tacgcattgga	atcactattc	ctggttatct	caccaacgaa	ggctaggagg	cggcgtcaga	660
ggtgctgggt	gacagagcca	tgagccagcc	attttataag	cactctgatt	tctaaaagtt	720
aaaaaaaaata	tatgaaatct	ctgtagcctt	tagttatcag	tacagattta	ttaaatttcg	780
gcccctaacc	cagccttttc	cagtgtgtaa	cccagtttga	aatcttaaaa	aaagaaaaaa	840
tgaaaaaaaaa	aggaaaaaaa	gaaaaaagga	aaaaaacagt	ttgaacacaa	aggctctatg	900
gaagaaatgc	ctctatgtag	gtgaagtgtt	ctctctgcat	gcaacagtaa	aaattaatat	960
aatattttcc	ccacaaaaga	aacacttaac	agaggcaagt	gcaattttata	aatttatatc	1020
taaaggggaa	tcatgattat	aagtccttca	gccccttgac	tctaaattga	ggggattaaa	1080
aagaatttaa	aataattttg	aacgaattta	ttttcccttc	agtttttgag	ggcattaaaa	1140
aggcattaaa	tcaagacaaa	tcatgtgctt	gagaaaaata	aaattaatga	aaacacagca	1200
cttatgttgg	tttagctgca	gcctccttgg	aggtagaatt	tatttattta	aaattactgg	1260
ttgcatcaag	aacctatagg	gtgtacaaaa	ggttctataa	aatctgcatt	atagagacaa	1320
agaggcaggc	aaatccatgt	cacaagggtg	aagcttacag	tttacaact	gggaacgcca	1380
gggtgtagga	tataaaaacg	cactcttgag	aaaacaaatg	taatcagggt	gctgaaaact	1440
tgcattggtgc	tttcagacat	tagccttgtt	caacaaattt	cttgatttga	cagatccata	1500
gtgtgcatgg	gcagacacat	tttgccctca	tgtctcttaa	aattttaatt	aaaaatactc	1560
tttcacgtaa	tcctaatttg	cacgaagata	taatgtccac	attacgtgcc	ttgccttgaa	1620
atctaaaaaa	caaaaaacaa	aaaagaaaag	gaacaaaaaa	atacaacaaa	gtgacatcac	1680

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1722 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

cattgtttgc	caaaatcccc	ggcagcatgg	acctcagttc	ttcttgggta	cttctgcccc	60
tagtcaacct	ggcctggggc	cagtatggcg	attatggata	cccataccag	cagtatccatg	120
actacagcga	tgatgggtgg	gtgaatttga	acgggcaagg	cttcagctac	cagtgtcccc	180
aggggcagg	gatagtggcc	gtgaggagca	tcttcagcaa	gaaggaaggt	tttgacagac	240
aatggaaacta	cgcctgcatg	cccaagccac	agagcctcgg	ggaacccaacg	gagtgtcggg	300

```

cattttgtga atgtagacta tggatacact cctaatagat tgatgtagtc ataaaagggg 1740
gtcaagtaga tgtttttctg ttatgtaagc aataattttt ccgtgtctta ttgagtatgg 1800
ctagcgatta tttattacat gctagatggg ttctttgcat gtgggttcca tatagggtgca 1860
gaaatttccct cagccactgg agggatttcg accatatttg tcatttggat gagctgttat 1920
tagattgaaa tctacacatc atttcattaa aaattgtgcc ttagaaaacg caaagctgtt 1980
gcacatggcg ataaattatg gatgcagtac attgaagaga gatgaagtca cttccaagtt 2040
tccaagactt ctcatggagg tgtttgctgt tttacaggaa aaaataaaaa taaaaaaga 2100
aaaaaaagag aaaaaattaa attcaaaaat tgttttgaaa atgtacagat caagtccaat 2160
attttgatta tccacctgca tgttttatta aatattttga taatgtggat gtttacactt 2220
tgcatgatat tagcagagta ccactagtaa tgcacaaaca tgtacaatat ggtcattcat 2280
aaccgatttt tatagaatac tttttacatg tgcaactcca tccgttatgt aaggattaca 2340
tgaatattgc acattccctt ctggtttcac aaaccctatt atacatattt cttagttagg 2400
ctcattgtac atgtattgaa gctagaatcg agtcaagaaa aataaagccc cattctccaa 2460
ctgcaaaatg tgctttccca taatgaacac tagtcaccag cacagaataa tctccaacat 2520
tttctaaatt ctaattgcca actgtttcta tttatatttg atttatattt catttggagt 2580
ctgttacatg gcagcttagg cagactagat cttgtttttt ccaatgcagc ataatgagta 2640
tgatctattt cttttcaaat aatctttgag atcccaggaa aaaaaaatg ctctgctcca 2700
ttgagctata atgtaaatgt gtttgtttaa aaaacaggtg aggcaagtga gtgatttatt 2760
gttcctgagg aagtatatct gatttttttt ctcatactcc aaaagctagt cctactctt 2820
taataaaaaa aatgggtaac tttttgtttt tcactagcga acttccatga catttccctt 2880
ctatgtagtg tgattaatgc aatacatatt atagttatct atacacagtg taagatttaa 2940
caaactgaaa tgatccacct catatgtgag tccgtccaaa agatgttact gctctgggtg 3000
ggccagtgtt ctatatcggt tatactaact ttcattttaa gtattttatc taaaatgcct 3060
ctgagaaaac gtaaaaaata aaaacaacaa gttgtctaaa atgcaacagc ttttatagta 3120
aatgtacatt tataaataaa atactcaaat caaaaaaaa 3159

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 876 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```

aataatttga tgcattctga atttatattt ctcattattgt tgtagatttt aacattgtat 60
ttttttcttt ttttttccct cctgtgtgcc tctctctctt caacagtcct ggtacctggg 120
ctagcttggg tcttttccaa gtgtcaataa ggacacccat cttaccggcc aatgtccaaa 180

```

tgcctttcaga	aaaccatttt	ctctgcaaag	aaaggaaaca	gatttgcaaa	ctttaaagtc	1620
tgctgtggat	ttatttatcc	tcagattatt	gttactgcat	taaatctacc	tttttgtttt	1680
aagttgcttg	aacattaaaa	aaaaaaaaaa				1710

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1089 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

cgctggataa	aagcattaac	catcagatcg	agtctcccag	tgaaaggcgg	aagtctataa	60
gtggaaagaa	gctgtgctct	tectgtgggc	ttcctttggg	taaaggagct	gcaatgatca	120
tcgagaccct	caatctctat	tttcacatcc	agtgtttcag	gtgtggaatt	tgtaaaggcc	180
agcttgagga	tgacgtgagt	gggacggatg	ttaggattcg	aaatgggtctc	ctgaactgta	240
atgattgcta	catgcgatcc	agaagtgcgc	ggcagccctac	aacattgtga	cacggctttc	300
aagcttccgg	atcactcacc	atttcttttac	tgagagtgtc	ccctggcaac	tgcttaacaa	360
aatcccaagc	tcaggggctt	ctcagcattt	acctaatttc	tgaaaggctc	ttctgaaagg	420
tggtatctgt	tctttcgtag	cacagtgttt	atgtttttcc	tgtttattgt	tttgggtttt	480
tggttttttt	ttgcatttgc	acagtataca	caaaagaata	tggtgttgta	atgatcctga	540
atagctcaaa	aaagggttta	gcatggtcaa	acaggcttat	ggtttaaaat	gtgttattct	600
cttctttggg	aattagctaa	atgatgcaat	aaacctgttt	tgttttagaa	tgtctaggaa	660
ttaaacactt	tatgtttaca	gaattgagct	gcagaaagtg	caagacatgc	caatttgaga	720
cacacggctt	tctaagactg	aaggataaat	ttaatgcatt	tcagaaacta	aacatcacag	780
caagctctat	ctctgagcta	taatttgttt	ttaatgcaaa	gacactagtt	tgataatata	840
tactgtaatc	ctgaaacatt	tgtgttactt	acctttggag	gtagaaatta	taccaataaa	900
ttattgcacc	gttagtatta	gattctgtgt	accttggaag	ttatgtcatt	aatatagget	960
ggttcatcaa	ataaagcaaa	accttgcaat	atcagctaga	tttactctcc	gggacgttgc	1020
ccaaaggtag	gaagaaagca	gagggaaata	tttcagtcac	catttccaaa	gtcattatca	1080
aaatctgtga	ggaagttaa	tcttccaaa	agtcaatgtc	agacatcagg	cctctgttgc	1140
ctgcttctct	cgaggcacta	gattaggagt	cttcaataag	agacttaaca	tgaggtatat	1200
ggaagatgag	gcaccgagat	aagttcatca	ttaggtgtga	gcactgtctc	cccttgcttg	1260
caagttctcc	ttaaggccct	gaagcacagg	tgctccaaaga	aaagcggtta	gtccatctta	1320
atagaatcta	tgtggtatat	gatgtggtca	gcccttggtc	tgtgatcagc	aagaacctac	1380
agcacagatt	atgccctgcc	cacttcaatg	aatacctact	ctcctccatt	ctccatcaact	1440
ttttttgcta	tcaagaactc	cggaccttgc	ccatggagaa	gttttagagag	gaactcttgt	1500
ggagagctgg	tttattttct	gccctgtgag	acgagtttca	gctggccaag	aaaggagtca	1560
agttattaaa	aagcatcaca	atgtagatct	ccaggctggt	tttttgtttt	ttgttggttaa	1620
gaactggggaa	agggggaacta	tttattctgc	cttaaatcaa	tggaataata	gtcaagatga	1680

tttattaaaa	gaagattacg	ttttacaatg	taactataat	ctcttgaatt	tggtatctta	2580
ttaatgagtt	ttaaagatgt	aaaacctaac	ctttttttaa	gctccattgt	cttatgtttt	2640
tagaggcttt	tccgtaaaca	tatatcttac	atataataaa	cttttcaa	cttgcaaaaa	2700
aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa			2738

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1286 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

cgccgcccgc	cctcctccca	gagcggcagc	cttttcccgc	gagtgetgcc	ttcgccgctc	60
gggcccgcgc	ggggaaaaca	tgccgtctgc	cctggagcag	ttcgtgaaca	gtgtccgaca	120
gctctcagct	caagggcaaa	tgacacagct	ttgtgaactg	atcaacaaga	gtggggaact	180
ccttgccaag	aacttatccc	atctggacac	tgtgctcggg	gctctggatg	tacaagaaca	240
ctccttgggc	gtccttgctg	ttttgtttgt	gaagttttct	atgcccagtg	ttcctgactt	300
cgaaacgcta	ttctcacagg	ttcagctctt	catcagcact	tgtaatgggg	agcacattcg	360
atatgcaaca	gacacttttg	ctgggccttg	ccatcagcta	acaaatgcac	ttgtggaaaag	420
aaaacagtga	caacataaga	tccaatgtgc	tgccatcttt	gagaacttat	ctgaaagaga	480
tgatcattct	gacagccctt	gagaggaatt	ggcatcctta	agcaagccat	agacaagatg	540
cagatgaata	caaaccagct	gacctcaata	catgctgate	tctgccagct	ttgtttgcta	600
gcaaaatgct	ttaagcctgc	ccttccatat	cttgacgtgg	atatgatgga	tatctgtaaa	660
gagaatggag	cctatgatgc	aaaacacttt	ttatgttact	attattatgg	agggatgata	720
tatactgggc	tgaagaactt	tgaaagagct	ctctactttt	atgaacaggc	tataactact	780
cctgccatgg	cggtcagtca	tatcatgttg	gaatcatata	aaaagtatat	tttagtgtct	840
ttgatattac	ttggcaaaag	acaacagcta	ccaaaatata	catctcaa	tgtgggtaga	900
ttcattaagc	ctcttagcaa	tgcataccac	gagttagcac	aagtgtattc	aaccaacaac	960
ccctcagaac	tccgaaacct	ggtgaataag	cacagtga	ccttcaactg	cgataacaac	1020
atggggctgg	tgaagcaatg	cttgtcatct	ctttataaga	agaatattca	gaggctaaca	1080
aagacctttt	taactctatc	attacaagat	atggcaagtc	gtgtgcagtt	gtctggacct	1140
caggaggcag	agaataacgt	tctgcacatg	atagaagatg	gtgagatttt	tgcaagtatt	1200
aaccagaagg	acggtatggt	cagtttccat	gataaccctg	aaaaatataa	taaccagacc	1260
atgcttcata	acattgatca	ggagatgctg	aagtgcattg	agctggatga	gcggctgaaa	1320
gccatggacc	aggagatcac	agtgaacctt	cagtttgtac	aaaagagtat	gggctcacia	1380
gaagatgatt	caggaaacaa	accatccagt	tattcttgaa	actaacatcc	atcctgagct	1440
aaacaagaga	aactaccatc	ttggccagtg	acaagtgttc	ggagggcagc	agagaggacc	1500
aagcctgtgt	cacctggaga	ctaagaaatt	aagttttgtt	ttgacatctt	cagtcctgtg	1560

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

gctccgtgcc	agcatgctac	cctggggaggc	acatccaggc	ttgggaaaacg	gggggtgtcct	60
ggatctcatg	actccagcag	caccagctgc	tctctttcct	cttccaagta	gacttccgtt	120
cccccccccac	ttgggtgttt	ttgtttgttt	tagcaattca	gagctcaaga	taaagacctt	180
aaagataaact	ttgtgtgtct	ctccctttct	aggatattgc	ataggaatca	gaggagttaa	240
tcttgtctct	tctcacaggt	ttgaatcttc	agacaaactt	ctgggaggac	tcggtccatg	300
cctcgcagca	gatgttccct	gtcaatcagt	aggcaaatg	gctacccatt	ctccccagaa	360
atctcaccag	tgtgtctact	gtgagaagac	gttcaaccgg	aaagaccacc	tgaaaaaacca	420
cctccagacc	cacgacccca	acaaaatggc	ctttgggtgt	gaggagtgtg	ggaagaagta	480
caacaccatg	ctgggcata	agaggcacct	ggccctccat	gcggccagca	gtggggacct	540
cacctgtggg	gtctgtgcc	tggagctagg	gagcaccgag	gtgctactgg	accacctcaa	600
agcccatgcg	gaagagaagc	ccccatggcg	aaaccaaggaa	aagaagcacc	agtgcgacca	660
ctgtgaaaga	tgtttctaca	cccggaaggga	tgtgcgacgc	cacctggtgg	tccacacagg	720
atgcaaggac	ttcctgtgcc	agttctgtgc	ccagagattt	gggcgcaagg	atcacctcac	780
ccggcatacc	aagaagaccc	actcacagga	gctgatgaaa	gagagcttgc	agaccggaga	840
ccttctgagc	accttccaca	ccatctcgcc	ttcattccaa	ctgaaggctg	ctgccttgcc	900
tcctttccct	ttaggagctt	ctgcccagaa	cgggcttgca	agtagcttgc	cagctgaggt	960
ccatagcctc	acctcagtc	ccccagaaca	agccgcacag	cctatgcagc	cgctgccaga	1020
gtccctggcc	tcctccacc	cctcggtatc	ccctggctct	cctccgccac	cccttcccaa	1080
tcacaagtac	aacaccaact	ctacctcata	ctccccactt	gcaagcctgc	ccctcaaaagc	1140
agatactaaa	ggttttttga	atatcagttt	gtttgaggac	ttgctctctg	aagagcctca	1200
gtcacctcaa	aagctcaacc	caggttttga	tctggctaag	ggaaatgctg	gtaaagttaa	1260
cctgcccaag	gagctgcttg	cagatgctgt	gaacctaaac	atacctgctt	ctctggacct	1320
gtcccccttg	ttgggcttct	ggcagctgcc	ccctcctgct	acccaaaata	cctttgggaa	1380
tagcactctt	gcccgtgggc	ctggggaatc	tttgccccac	aggttaagct	gtctggggca	1440
gcagcagcaa	gaacccccac	ttgccatggg	cactgtgagc	ctggggccagc	tcctccttgc	1500
ccccatccct	catgtgttct	cagctggcac	tggtctctgc	atcctgcctc	atttccatca	1560
tgcattcaga	taattgattt	ttaaagtgtg	ttttctgtat	tctggaagat	gttttaagaa	1620
gcattttaaa	tgctcagttac	aatatgagaa	agattttggaa	aacgagactg	ggactatggc	1680
ttattcagtg	atgactggct	tgagatgata	agagaattct	cgaactgcat	gtattgtgcc	1740
aatctgtcct	gagtgttcat	gctttgtacc	aaattttaatg	aacgcgtgtt	ctgtaatcaa	1800
actgcaaata	ttgtcataac	caacatccaa	aatgacggct	gctatatata	agtgtttgtc	1860
atatggaatt	taatcgtaa	ccatgatcat	aatgttaact	aaataacttt	atgtgtccact	1920
gcctagttaag	ggaactatgg	aaagggttgg	atttctccaa	atctggggaga	attttcaaaa	1980
taagaaaata	acctttatat	gatatactat	gaactaggctg	tgtattttctt	ttcagggatt	2040
tttctacctt	cagggttggga	tgtagttag	ttactattac	catagccaac	ctgtagtttt	2100
acatatacat	tttctgtgtg	agcaatagag	ttctccattt	tacagaagca	ttttaaatgt	2160
agtttgaaata	ttttccacaa	gatgtgtcaa	tgtgagttat	caottcattt	atcttaaaaga	2220
aagactaaac	tggttgtcag	ttacatctga	cagaaaaaaa	aaaaaaatca	ctgtgttaac	2280
aggtaagtgt	gtaaaaataat	ccaggcgctca	gtcaaaaggca	ttttgctgac	tttaatatgt	2340
atttatattt	taacagggaat	ttaaagaaaat	attactggaa	ttaaaaatat	atatatatata	2400
aacaagaatt	ttcttctgtc	tgtctagctt	aaactactac	tcaagctgtt	taagttctta	2460
agtattgttt	gtaatcacc	ataaataaagt	gcatttgtta	ttcatcagtc	attattagct	2520



- (A) LÄNGE: 833 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

```

attacaggca  tgagccactg  taccagcct  ttccttataa  aattcaaaga  gaaaatttct  60
acacctttat  cctcaaaata  aaacaagtgc  tcagttctta  ccgtgccctt  gcaaggtota  120
tatgtaaaag  aaatctgaaa  tttagctgta  gaataaaaact  tgataaataa  aaagaaaaaa  180
catacatttc  tccagtttgt  ttgctctttg  cttgttgaag  taataaaccg  ttttaaagag  240
aaaataacttg  ctgtaaaccc  ccagtgcctt  caactctttt  ggcagaatat  ttttaaagaa  300
atccagcaag  caaactttga  ggtgctaata  aaagtaaagg  aaggtgggat  ttctagtttt  360
ggcagaaatg  aaaagtgtct  cacaagagac  atcactaccc  acgtgggggc  tggctgcttt  420
ctaccaaaag  catttagaga  agaagtgaat  tgagtcaggg  tgatggtgaa  cactacatat  480
ttttagatg  gtttaagttg  gaattaatta  tgtttatcat  ggatggctac  taataccaag  540
ctcatgattg  ttgcagcctc  aacgtcttag  gcagtaaaac  ttgtctgcag  cactaaaggg  600
ggagaaaccc  ttatatattt  caaactgtcc  attcgttaaa  tttattgtaa  cctaatacca  660
aaaactgccg  tttttcatat  tatttcccc  cctcctactt  tttttttttt  tttttgctac  720
ttgtaaaata  accccttcta  gaaaataagc  attaaactga  atgtttcaaa  caattttgct  780
tcattttact  atcagccact  agtgaactct  tacagagatg  tacattttaag  ataaaattag  840
cttgtgctaa  gtgtttttaa  aacattgttt  actgttaaa  ggaattgca  catttatatt  900
aactgggatt  gctccctccc  tcagttcttt  aaaaaacaag  agtcaaggct  cacaccaact  960
tgtaggctgt  gggagctttg  ccataggtag  atacaatgta  gaagtatact  tttttaaaag  1020
atgaagaaga  caaggaaact  cattataatg  taccaggtag  aggacattat  tattcaaagg  1080
attatgcaca  gctcagttaa  gatgaagtta  caatttttct  cgcagctttg  ttgctattat  1140
tttctttctg  ataaatgtat  gctcatttca  ttatgtgcct  tgctccctga  ttgtgcaaag  1200
cttatatata  tatatatata  gatagataga  tagatagata  gatatatgag  agagatatat  1260
tcagtactac  tgaggatgtt  tttctgagga  tgtttttgtt  ctgctggatt  aagttatttt  1320
ccaagttaact  cttgccagtt  atgtcagtaa  actattgtaa  tggcttagca  cactagtcgt  1380
acagtcagtg  taaatgtttt  tcatttacat  gttttcatta  tatcagctta  tcaaactcct  1440
aataaaaaaa  attcatagat  ttcattttaa  c  1471

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2409 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

agataactgca	gtgaaagccc	aagtccttgg	aagctttccc	cagtgaagga	ctgactgggg	720
gcctcacgct	taactggtag	tgcccacaag	cctggcagct	gtagagccgc	gaacctcccc	780
acacctcccc	caccgcgcag	gaccttgagt	gaggaggagg	agctggaaac	ctgggggtggg	840
ttggccaaag	gagaacctca	agctcctggc	ctgatccagc	tccttcctgc	ccaaggcagc	900
ttagcccatc	cagaactggtc	ctgaagtctg	tccctccatt	ggcatgaagt	ctgccccctca	960
gcagtcocgc	ctcacaggct	gtactttcat	ggtgctctct	accttctggc	ccccatccca	1020
gaacattcgt	gagtgaattc	gcaagcatat	tagcatgtga	tattaggagg	tttgcaataa	1080
attattgatg	ctgatgtaaa	aaaaaaa				1107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 585 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

gtgaatatgt	ggtatatgt	gtgtgtatgt	gtgtgtgggg	tttggggtag	aaggaggagg	60
gggggcagga	cagtgtggaa	tctctagggt	gtatgggtag	gtagggggca	cagttagttc	120
taagtgggct	tttatgctaa	aagcctctgg	ggatatctgt	tttgaaaata	aagatagggtg	180
tccccctcct	gctgtcatct	agcccagaca	ctctgcttgc	tctctggctg	tctgctccct	240
gggaaggcct	taggaggacc	accaggaca	ggatgaccat	gctgccatct	gctctggagc	300
tgggtctcag	tgcagaggga	cagtgaactgt	ggatgggttc	agtctctggg	gggagggtgag	360
gatagaagtg	ataaaagagct	aagaggagct	tctgggagcc	ttggaggagg	tcagtcttgc	420
agtgggtgaag	ccaggacata	ggagatggag	cagggctgtg	agaggaggag	attctgagga	480
ggatgcaggg	gaaatcttgt	ctgttaatga	aatagggggtg	gggtgggggt	tgggtggggg	540
tgggtcattgc	cgtttgagct	gctgattttc	atgagtcgcc	ttcaaaaactc	tcgtgtaggg	600
ttgacaatgt	gggggggttg	gggatccagc	ttattctttt	attttcaagt	ccattcttgg	660
ggctggtggg	gaggcaggag	aatacccttc	cctaagccct	tagtgtgtgc	cgagcttgct	720
ttgtgatgtt	ggcaggggag	gggagacctg	ggtgggtgact	gagttccctt	tatcaaaacc	780
ttcaatgggc	acaaaattga	gtgcttgatt	ttagggtttta	tttttttatg	aatgtccaaa	840
tctgtgtttc	ccctgcct	cccagactgt	gtggccagtt	gaaagtgtct	ggtttgtgtt	900
catctctccc	tcatttctgg	agcagggcct	gagacctgc	cacatctcct	atgctctgca	960
tcacgcctc	ttttggacat	taaagggtga	ttgatgcaaa	acaactttac	aacgggggtg	1020
cttggggaag	cctgggggtg	gccggcttat	gggggtgcgg	cg		1062

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

TCAGCTGTAT	TTCCAGTAAC	ACAGCATCAT	CGCACTGACT	GTGGCGCACT	GGGGAATAAC	1680
AGTCTGAGCT	AGCACCACCC	TCAGCCAGGC	TACAACGACA	GCACTGGAGG	GTCTTCCCTC	1740
TCAGATTAC	CTGGAGGCC	TCAGACCCC	AGGGTGCACG	TCTCCCAGG	TCCTGGGAGT	1800
GGCTACCGCA	GTAGTTTCTG	GAGAGCACGT	TTTCTTCATT	GATAAGTGGA	GGAGAAATGC	1860
AGCACAGCTT	TCAAGATACT	ATTTTAAAAA	CACCATGAAT	CAGATAGGGA	AAGAAAGTTG	1920
ATTGGAATGG	CAAGTTTAAA	CCTTTGTTGT	CCATCTGCCA	AATGAACTAG	TGATTGTCAG	1980
ACTGGTATGG	AGGTGACTGC	TTTGTAAGGT	TTTGTCGTTT	CTAATACAGA	CAGAGATGTG	2040
CTGATTTTGT	TTTAGCTGTA	ACAGGTAATG	GTTTTTGGAT	AGATGATTGA	CTGGTGAGAA	2100
TTTGGTCAAG	GTGACAGCCT	CCTGTCTGAT	GACAGGACAG	ACTGGTGGTG	AGGAGTCTAA	2160
GTGGGCTCAG	TTTGATGTCA	GTGTCTGGGC	TCATGACTTG	TAAATGGAAG	CTGATGTGAA	2220
CAGGTAATTA	ATATTATGAC	CCACTTCTAT	TTACTTTGGG	AAATATCTTG	GATCTTAATT	2280
ATCATCTGCA	AGTTTCAAGA	AGTATTCTGC	CAAAAGTATT	TACAAGTATG	GACTCATGAG	2340
CTATTGTTGG	TTGCTAAATG	TGAATCACGC	GGGAGTGAGT	GTGCCCTTCA	CACTGTGACA	2400
TTGTGACATT	GTGACAAGCT	CCATGTCCTT	TAAAATCAGT	CACTCTGCAC	ACAAGAGAAA	2460
TCAACTTCGT	GGTTGGATGG	GGCCGGAACA	CAACCACTCT	TTTTGTATTT	ATTGTTACTG	2520
AGACAAAACA	GTACTCACTG	AGTGTTTTTC	AGTTTCCTAC	TGGTGGTTT	GATATTGTTT	2580
GTTTAAGATG	TATATTTAGA	ATGACATCAT	CTAAGAAGCT	GATTTTGCTA	AACTCCTGTT	2640
CCCTACAATG	GGAAATGTCA	CAAGAATGTG	CAAAAATAAA	AATCTGAGGA	AAAAACCCAA	2700
AAAATTCCTA	AAGAGAATG					2719

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 786 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

gggcccggggca	gcccagctga	aggcaataag	ctgggctcac	cgctgcagca	gagttctgtg	60
ctagccggggc	ataggggcga	gagaaggccc	agaggcgacg	tcagagagaa	gcaactgcgc	120
cccgggtgaag	agaagctcgc	ccatcaccgg	ctgggagcca	gctttcagtg	aagatggcag	180
ggccagaaact	gttgcttgac	tccaacatct	gcctctgggt	ggtcctaccc	atcgttatca	240
ctcttcgtag	acatgatccg	ccactacgtg	tccatcctgc	tggagagcga	caagaagctc	300
acccaggaac	aagtatctga	caggggacga	ggcaccacac	gtccctctcc	cataagcctg	360
ccaagaagat	tgatgtggcc	cgtgtaacgt	ttgacctgta	caagctgaac	ccacaggact	420
tcattggctg	cctgaacgtg	aaggcgactt	tttatgatac	atactccctt	tcctatgata	480
tgcactgctg	tggggccaag	cgcatcatga	aggaagcttt	ccgctgggcc	ctcttcagca	540
tgcaggccac	aggccacgta	ctgcttgga	cctcctgtta	cctgcagcag	ctcctcgatg	600
ctacggagga	agggcagccc	cccaaggga	aggcctcctc	ccttatcccc	acctgtctga	660

CTTTCACGTGT TCTCACAGGA CATGTACCTA ATTATGGTAC TTATTTATGT AGTCACTGTA 660  
 TTTCTGGATT TTTAAATTAA TAAAAAAGTT AATTTTGAAA AATCAAAAAA AAAAGAAAGG 720  
 AAGTAAAAGG A 731

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2719 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

GGAGACCAGG CCCACAGAGA ACAGGGCAAG GAGCAGGCCA TGTTTGATAA GAAGGTGCAG 60  
 CTCCAGAGAA TGGTAGACCA AAGGTCGGTG ATTTTCAGATG AAAAGAAAGT TGCCCTCCTC 120  
 TATCTAGACA ATGAGGAGGA GGAGAATGAT GGGCATTGGT TTTAATAAGC AGAAACATTT 180  
 TGTTTTAATG GCAGCCTGTT GGCGACGTGC CAACATCCAA AGGCCTTAAC TTATTTTAAG 240  
 AGGCCGAGGG AGTCTATGAA AATCTCCCTT TTTTACTTTT TTTAAAGAGT ACTCCCGGCA 300  
 TGGTCAATTT CCTTTATAGT TAATCCGTAA AGGTTTCCAG TTAATTCATG CCTTAAAAGG 360  
 CACTGCAATT TTATTTTTGA GTTGGGACTT TTACAAAACA CTTTTTCCC TGGAGTCTTC 420  
 TCTCCACTTC TGGAGATGAA TTTCTATGTT TTGCACCTGG TCACAGACAT GGCTTGCATC 480  
 TGTTTGAAAC TACAATTAAT TATAGATGTC AAAACATTAA CCAGATTAAA GTAATATATT 540  
 TAAGAGTAAA TTTTGCTTGC ATGTGCTAAT ATGAAATAAC AGACTAACAT TTTAGGGGAA 600  
 AAATAAATAC AATTTAGACT CTAAAAAGTC TTTTCAAAAA GAAATGGGAA ATAGGCAGAC 660  
 TGTTTATGTT AAAAAAATTC TTGCTAAATG ATTTTCATCTT TAGGAAAAAA TTAATTGCCA 720  
 TATAGAGCTA AATTCATCTT AAGACTTGAA TGAATTGCTT TCTATGTACA GAACTTTAAA 780  
 CAATATAGTA TTTATGGCGA GGACAGCTGT AGTCTGTTGT GATATTTTCA ATTCTATTTG 840  
 CACAGGTTCC CTGGCACTGG TAGGGTAGAT GATTATTGGG AATCGCTTAC AGTACCATT 900  
 CATTTTGTGG CACTAGGTCA TTAAGTAGCA CACAGTCTGA ATGCCCTTTT CTGGAGTGGC 960  
 CAGTTCTTAT CAGACTGTGC AGACTTGCGC TTCTCTGCAC CTTATCCCTT AGCACCCAAA 1020  
 CATTTAATTT CACTGGTGGG AGGTAGACCT TGAAGACAAT GAAGAGAATG CCGATACTCA 1080  
 GACTGCAGCT GGACCGGCAA GCTGGCTGTG TACAGGAAAA TTGGAAGCAC ACAGTGGACT 1140  
 GTGCCTCTTA AAGATGCCTT TCCCAACCTT CCATTCATGG GATGCAGGTC TTTCTGAGCT 1200  
 CAAGGGTGAA AGATGAATAC AATAACAACC ATGAACCCAC CTCACGGAAG CTTTTTTTGC 1260  
 ACTTTGAACA GAAGTCATTG CAGTTGGGGT GTTTTGTCCA GGGAAACAGT TTATTAAATA 1320  
 GAAGGATGTT TTGGGGAAGG AACTGGATAT CTCTCCTGCA GCCCAGCACC GAGATACCCA 1380  
 GGACGGGCCT GGGGGGCGAG AAAGGCCCCC ATGCTCATGG GCCGCGGAGT GTGGACCTGT 1440  
 AGATAGGCAC CACCGAGTTT AAGATACTGG GATGAGCATG CTTCAATTGGA TTCATTTTAT 1500  
 TTTACACGTC AGTATTGTTT TAAAGTTTCT GTCTGTAAAG TGTAGCATCA TATATAAAAA 1560  
 GAGTTTCGCT AGCAGCGCAT TTTTTTTAGT TCAGGCTAGC TTCTTTCACA TAATGCTGTC 1620

```

GCCCCGGGGCC GGCGGGTTTC TCTAACAAAT AAACAGAACC CGCACTGCCC AGGCGAGCGT 180
TGCCACTTTC AAAGTGGTCC CCTGGGGAGC TCAGCCTCAT CCTGATGATG CTGCCAAGGC 240
GCACTTTTTTA TTTTATTTT ATTTTATTT TTTTTTTAGC ATCCTTTTGG GGCTTCACTC 300
TCAGAGCCAG TTTTAAAGG ACACCAGAGC CGCAGCCTGC TCTGATTCTA TGGCTTGGTT 360
GTTACTATAA GAGTAATTGC CTAACCTGAT TTTTCATCTC TTTAACCAAA CTGTGGCCA 420
AAAGATATTT GACCGTTTC AAAATTCAGA TTCTGCCTCT GCGGATAAAT ATTTGCCACG 480
AATGAGTAAC TCCTGTCACC ACTCTGAAGG TCCAGACAGA AGGTTTTGAC ACATTCTTAG 540
CACTGAACTC CTCTGTGATC TAGGATGATC TGTTCCCCCT CTGATGAACA TCCTCTGATG 600
ATCTAGGCTC CCAGCAGGCT ACTTTGAAGG GAACAATCAG ATGCAAAAGC TCTTGGGTGT 660
TTATTTAAAA TACTAGTGTC ACTTTCTGAG TACCCGCCGC TTCACAGGCT GAGTCCAGGC 720
CTGTGTGCTT TGTAGAGCCA GCTGCTTGCT CACAGCCACA TTTCCATTG CATCATTA 780
GCCTTCACCT GCATAGTCAC TCTTTTGATG CTGGGGAACC AAAATGGTGA TGATATATAG 840
ACTTTATGTA TAGCCACAGT TCATCCCCAA CCCTAGTCTT CGAAATGTTA ATATTTGATA 900
AATCTAGAAA ATGCATTCAT ACAATTACAG AATTCAAATA TTGCAAAAGG ATGTGTGTCT 960
TTCTCCCCGA GCTCCCCTGT TCCCCTTCAT TGAAAACCAC CACGGTGCCA TCTCTTGTGT 1020
ATGCAGGGCT ATGCACCTGC AGGCACGTGT GTATGCACTC CCCGCTTGTG TTTACACAAG 1080
CTGTGGGGTG TTACGCATGC CTGCTTTTTT CACTTAATAA TACAGCTTGG AGAGATTTTT 1140
GTATCACATT ATAAATCCCA CTCGCTCTTT TTGATGGCCA CATAATAACT ACTGCATAAT 1200
ATGGATACGC CTTATTTGAT TTAAC TAGTT CCCTAATGAT GGACTTTTAA GTTGTTCCT 1260
TTTTTTTTTCT TTTTGTCTAC TGCAAACGAT GCTATAATAA ATGTCCTTAT CAAAAATG 1318

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 731 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

CTTGGGACAA GACTCTCACC AGCACATCAC ACACGTTCTC CTTGGAAGAG AGAAGCAGTA 60
CATCCCGGTT GAGAGGTCAC AAAGCATTAG TGGAAGAAAT GTGGTAAAGG GGGGAAGGTG 120
TTATGCGGCT GCTCCCTCCG TCCCAGAGGT GGCAGTGATT CCATAATGTG GAGACTAGTA 180
ACTAGATCCT AAGGCAAAGA GGTGTTTCTC CTTCTGGATG ATTCATCCCA AAGCCTTCCC 240
ACCCAGGTGT TCTCTGAAAG CTTAGCCTTA AGAGAACACG CAGAGAGTTT CCCTAGATAT 300
ACTCCTGCCT CCAGGTGCTG GGACACACCT TTGCAAAATG CTGTGGGAAG CAGGAGCTGG 360
GGAGCTGTGT TAAGTCAAAG TAGAAACCCT CCAGTGTGTTG GTGTTGTGTA GAGAATAGGA 420
CATAGGGTAA AGAGGCCAAG CTGCCTGTAG TTAGTAGAGA AGAATGGATG TGGTTCTTCT 480
TGTGTATTTA TTTGTATCAT AAACACTTGG AACAACAAAG ACCATAAGCA TCATTTAGCA 540
GTTGTAGCCA TTTTCTAGTT AACTCATGTA AACAAGTAAG AGTAACATAA CAGTATTACC 600

```

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

```

AAGACCCCGT CTCTACAAAG CAAAACGAAA AACAACAAAT GGAGTTGTGC TATGTTGTAT 60
TGCTTTGTCAC AAAATTAGGA ACAGGTGTTT GACAATTGAA TTTGTTTTCT GTGAATTCTA 120
ACCTCTAAAG GCATGCTTAG AGGTCAAGGA CCTTCCTGTG TAGTTGGTGC AAAAGCAATC 180
TCCACAGGAC AGCACTGCTT CCATGCTTCA TACATCAGGA AATGAGGCCA GAACTTGAGT 240
ATTTACTAAC ACGTTTTTCA AAAGATGTCA GTGTTATACC TAAAGCTAAA AAAAAGCAAG 300
GGTTTGTTCAT AGAGGGAACC TCTAAATAAT TTCAGGGGTA GGGGAGATGT TGTCAATAGG 360
AAATGGGATA AAATATCAAG AGACAATGAA AACACTGCCT TGACATGAGG ACCAGCAAGT 420
TTATTCTTTT CATTTTTCAGT GATGTTGGGA ATGGACTGGG TTTTAAAAGG GAGCTTGAAG 480
AGGGAATGTT TGACAGTCAC AGAAGGTTCC TGCAGCAGAT GCCTCTTTTA GCCATTTCTC 540
ATTTTTTTTCC TCAAATTTTA CCTACTGAGG CTCAAGCCTT CACAGTGAGC TGATGGTCTC 600
TACAGGGGAG GGGAGTCTAG GGAATTTATT TGGTATTTGT AAGGCAAGAG GTGATTTCTC 660
TCTAATATAT CTGAGTTATT GCTCATTTAA AACTGTTAAG TCCAGTATAA TTTTCCCTGA 720
TATGAAAAAA TGTGCATTTT TTTCACCTAG CAACAAAGTA CCTTCTAATT TCCAATAGTC 780
CGTGAAAGTT GGGGCTGAAG TACCTAAGTG TGAATGTCTC TCCCGTTAAA CTGAGTGTAG 840
AAATCTGAAT TTTTAAAAGA GCTGTAACTA GTTGTAAAGT CTTAGGAAGA AACTTTGCAA 900
ACATTTAATG AGGATACACT GTTCATTTTT AAAATTCCTT CACACTGTAA TTTAATGTGT 960
TTTATATTCT TTTGTAGTAA AACAACATAA CTCAGATTTT TACAGGAGAC AGTGGTTTTA 1020
TTTGATTGT CTTCTGTAAT AGGTTTCAAT AAAGCTGGAT GAACTTAAAA AAAAAAAAAA 1080
A                                                    1081

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1318 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

```

GCCAAAGCGC AGGGTCAGCG ACACTTCTTC CGGCCCAACG CCGTGCAATGG AGCCCATCCT 60
GGGCCGCACG CATTACAGCC AGCTGCGCAA GAAGAGCTGA GTCGCGGCAC CAGCCGCCGC 120

```

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

ATTGCATCAG CCCGCTGGA AGAAGTCACT GGAAGCTAC AAGTAGCTCG GAACCTTATC 60
ATGAGGGGGA CGGAGATGTG CCCCAGAGT GAAGATGTCT GGCTGGAAGC AGCCAGGTTG 120
CAGCCTGGGG ACACAGCCAA GGCCGTGGTA GCGCAAGCTG TCCGTCACTCT CCCACAGTCT 180
GTCAGGATTT ACATCAGAGC CGCAGAGCTG GAAACGGACA TTCGTGCAAA GAAGCGGGTT 240
CTTCGGAAG CCCTCGAGCA TGTTCCAAAC TCGGTTTCGCT TGTGGAAGC AGCCGTTGAG 300
CTGGAAGAAC CTGAAGATGC TAGAATCATG CTGAGCCGAG CTGTGGAGTG CTGCCCCACC 360
AGCGTGGAGC TCTGGCTTGC TCTGGCAAGG CTGGAGACCT ATGAAAATGC CCGCAAGGTC 420
TTGAACAAGG CGCGGGAGAA CATTCCTACA GACCGACATA TCTGGATCAC GGCTGCTAAG 480
CTGGAGGAAG CCAATGGGAA CACGCAGATG GTGGAGAAGA TCATCGACCG AGCCATCACC 540
TCGCTGCGGG CCAACGGTGT GGAGATCAAC CGTGAGCAGT GGATCCAGGA TGCCGAGGAA 600
TGTGACAGGG CTGGGAGTGT GGCCACCTGC CAGGCCGTCA TCGTGCCGT GATTGGGATT 660
GGGATTGAGG AGGAAGATCG GAAGCATACC TGGATGGAGG ATGCTGACAG TTGTGTAGCC 720
CACAATGCCC TGGAGTGTGC ACGAGCCATC TACGCCTACG CCCTGCAGGT GTTCCCCAG 780
AAGAAGAGTG TGTGGCTGCG CGCCGCGTAC TTCGAGAAGA ACCATGGCAC TCGGGAGTCC 840
CTGGAAGCAC TCCTGCAGAG GGCTGTGGCC CACTGCCCCA AAGCAGAGGT GCTGTGGCTC 900
ATGGGCGCCA AGTCCAAGTG GCTGGCAGGG GATGTGCCTG CAGCAAGGAG CATCCTGGCC 960
CTGGCCTTCC AGGCCAACCC CAACAGTGAG GAGATCTGGC TGGCAGCCGT GAAGCTGGAG 1020
TCCGAGAATG ATGAGTACGA GCGGGCCCGG AGGCTGCTGG CCAAGGCGCG GACAGTGCCC 1080
CCACCGCCCG GGTGTTTCATG AAGTCTGTGA AGCTGGAGTG GGTGCAAGAC AACATCAGGG 1140
CAGCCCAAGA TCTGTGCGAG GAGGCCCTGC GGCATATGA GGACTTCCCC AAGCTGTGGA 1200
TGATGAAGGG GCAGATCGAG GAGCAGAAG AGATGATGGA GAAGGCGCGG GAAGCCTATA 1260
ACCAGGGGTT GAAGAAGTGT CCCCCTCCA CACCCCTGTG GCTTTTGCTC TCTCGGCTGG 1320
AGGAGAAGAT TGGGCAGCTT ACTCGAGCAC GGGCCATTTT GGAAAAGTCT CGTCTGAAGA 1380
ACCCAAAGAA CCCTGGGCTG TGGTTGGAGT CCGTGCGGCT GGAGTACCGT GCGGGGCTGA 1440
AGAACATCGC AAATACACTC ATGGCCAAGG CGCTGCAGGA GTGCCCCAAC TCCGGTATCC 1500
TGTGGTCTGA GGCCATCTTC CTCGAGGCAA GGCCCCAGAG GAGGACCAAG AGCGTGGATG 1560
CCCTGAAGAA GTGTGAGCAT GACCCCATG TGCTCCTGGC CGTGGCCAAG CTGTTTGGGA 1620
GTCAGCGGAA GATCACCAG GCCAGGGAGT GGTTCACCG CACTGTGAAG ATTGACTCGG 1680
ACCTGGGGGA TGCCTGGGCC TTCTTCTACA AGTTTGAGCT GCAGCATGGC ACTGAGGAG 1740
AGCAGGAGA GGTGAGGAAG CGCTGTGAGA GTGCAGAGCC TCGGCATGGG GAGCTGTGGT 1800
GCGCCGTGTC CAAGGACATC GCCAACTGGC AGAAGAAGAT CGGGGACATC CTTAGGCTGG 1860
TGGCCGGCCG CATCAAGAAC ACCTTCTGAT TGAGCGGTTG CCATGGCCGG TCTCCGTGGG 1920
GCAGGGTTGG GCCGCATGTG GAAGGGCTCT GAGCTGTGTC CTCCTTCATT AAAAGTTTTT 1980
ATGTCTCGTG TCAGAAAAAA AAAGAAAAGA AAAAAGGGGG CGCCCGGGGG C 2031

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1081 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

### Sequenzprotokoll

#### (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

##### (i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

(ii) TITEL DER ERFINDUNG:      Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Brustgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen:    154

##### (iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

##### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2031 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

##### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

##### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library



**DNA-Sequenz**  
**S q. ID. No.**

69

71

72

74

76

**Peptid-Sequenz**  
**S q. ID. No.**

149

150

151

152

153

154

155

156

157

158

159

160

**DNA-Sequenz n**  
**S q. ID. No.**

**P ptid-Sequenz n**  
**Seq. ID. No**

30

105

106

107

31

108

34

109

110

111

112

37

113

42

114

43

115

116

117

45

118

119

120

121

48

122

123

50

124

125

51

126

52

127

53

128

54

129

57

130

131

58

132

133

59

134

135

136

60

137

61

138

62

139

140

141

63

142

143

144

145

64

146

65

147

68

148

## TABELLE II

## DNA-Sequenzen

## Seq. ID. No.

1

2

3

4

5

10

11

12

13

14

15

18

19

20

21

22

23

24

25

28

## Peptid-Sequenzen

## Seq. ID. No.

77

78

79

80

81

82

83

84

85

86

87

88

89

90

91

92

93

94

95

96

97

98

99

100

101

102

103

104

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
76	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt	296	2419	

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
70	im Brust- und Blasennormalgewebe erhöht	human lipoprotein lipase	225	2939	Chrom. 8
71	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	vermutlich neues humanes Gen mit eine DNA-Box, die für eine SH3-Domäne kodiert (SH3-Protein), diese Proteine sind Mediatoren der interzellulären Zellkommunikation	263	1950	
72	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	neues humanes Gen, das möglicherweise einen Transkriptionsfaktor darstellt, auf Nukleinsäure-Ebene besteht eine gewisse Sequenzidentität zu dem DNA-bindenden Protein CROC-1A	240	814	
73	ca. 12 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 20 x stärker im normalen Blasenngewebe als im entspr. Tumorgewebe	sezerniertes humanes Gen, das mit Drosophila "frizzled" verwandt ist, es spielt eine Rolle beim programmierten Zelltod (Apoptosis)	404	3216	
74	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	vermutlich humanes Gegenstück des Maus Sox-18 Gens, die Sox-Gene stellen eine wichtige Gruppe von Transkriptionsfaktoren dar, die Entwicklungsprozesse wie z.B. die Sex-Determination (Sox9) mitsteuern. Sox-Gene weisen eine so.g HMG-Box ("high mobility group") auf, Maus-Sox 18 ist verwandt mit Sry ("testis-determining factor")	264	747	

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
61	im Brustnormalgewebe erhöht	humanes Homologes zu Mouse Kryn	225	2952	Chrom. 4
62	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	223	2313	unbkt.
63	im Brustnormalgewebe erhöht	mögliches neues Mitglied der PDGF-Rezeptorfamilie	192	1650	unbkt.
64	im Brust- und endokrinem Normalgewebe erhöht	humanes Homologes zu Pig UMP-CMP Kinase	223	2851	human STS SHGC-36697
65	in Brust- und Blasennormalgewebe erhöht	unbekannt	221	1071	unbkt.
66	im Brustnormalgewebe erhöht	human cAMP phosphodiesterase mRNA	199	2375	
67	im Brust- und Blasennormalgewebe erhöht	human antigen CD 36	221	1823	unbkt.
68	im Brustnormalgewebe erhöht	humanes Homolog to Schizosaccharomyces pombe sad1+ gene; Spindle pole body protein	248	2403	unbkt.
69	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	230	1246	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
55	im Brustnormalgewebe erhöht	human mitochondrial aldehyde dehydrogenase I	321	2036	Chrom. 12, D12S84- D12S369
56	im Brust- und Gehirnnormalgewebe	human mRNA for long-chain acyl-CoA synthetase	269	1265	Chrom. 4
57	im Brustnormalgewebe erhöht	prepro-melanin-concentrating hormone	247	274	unbkt.
58	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	270	2073	Chrom. 2
59	in Brust- und Prostanormalgewebe erhöht	mögliches neues Mitglied der humanen tob- Genfamilie	205	850	unbkt.
60	in Brust- und Blasennormalgewebe erhöht	unbekannt	229	2091	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. länge	Länge der angemel. Sequenz	Chrosom. Lokalisat.
48	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	157	2192	unbkt.
49	im Brustnormalgewebe erhöht	human ras-like protein	305	2952	unbkt.
50	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	188	615	Chrom. 7
51	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	290	1488	
52	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	174	1304	Chrom. 11
53	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	289	2262	unbkt.
54	im Brustnormalgewebe erhöht	Homologes zu human B4-2 protein mRNA	306	1301	Chrom. 6



Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. - länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
43	ca. 6 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt	259	1025	Hum. Chrom. 10 zw. D10S222u. D10S597 (131-137 cM)
44	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe,	c-myc Proto-Onkogen	339	1219	Hum. Chrom. 8 zwischen D8S263 u. D8S284 (140-142 cM)
45	ca. 9x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	möglicherweise humanes Gegenstück eines Fettzellen-spezifischen Gens der Maus	328	538	unbkt.
46	ca. 6 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Profilin II, es spielt eine Rolle beim Zusammenbau des Zytoskeletts und möglicherweise auch bei der zellulären Endozytose	240	1776	Hum. Chrom. 3 zwischen D3S1555u D3S1299 (169-171 cM)
47	im Brustnormalgewebe erhöht	human placenta copper monamine oxidase	256	360	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
39	ca. 21 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes alpha-B-Crystallin-Gen, ursprüngl. als linsen-spezifisches Gen kloniert, scheint es im Endometrium durch Progesteron und Östrogen reguliert zu werden. Die Expression korreliert mit der Nicht-proliferativen Phase des Menstruationszyklus.	247	1036	STS nicht gemappt
40	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 7 x stärker im normalen Prostatagewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 6 x stärker im normalen Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes extrazelluläres Protein S1-5	265	2659	Hum. Chrom. 2 zw. D2S2371u. D2S388 (107-111 cM)
41	ca. 15x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 7 x stärker im normalen Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	humane Lipoprotein-Lipase	252	2939	Hum. Chrom. 8p21 (s. Literatur)
42	ca. 12 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 20 x stärker im normalen Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	sezerniertes "frizzled-related protein", also ein Gen, das im "wingless-pathway" ("frizzled" ist der "wingless"-Rezeptor) eine Rolle spielen könnte	273	3670	STS nicht kartiert

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromosom Lokalisat.
33	ca. 5 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Mi-2 Autoantigen, vermutlich eine Helicase, die die Transkription aktiviert	244	1393	Hum. Chrom. 12 zw. D12S93u D12S77 (12- 21 cM)
34	ca. 7 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt	258	1236	unbkt.
35	ca. 10 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe und ausschl. in Brust exprimiert	humanes "obese protein" (ob)	237	749	Hum. Chrom. 7
36	ca. 6 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Duffy-Antigen (DARC-Gen)	271	1251	unbkt.
37	ca. 8 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	möglicherweise ein neues Mitglied der Familie der Adipophiline, dies sind Fettspeicher- assoziierte Proteine	199	3283	unbkt.
38	ca. 5 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Semaphorin E, vermittelt möglicherweise zelluläre Resistenz gegen cis- Platinum (CDDP), einer in der Chemotherapie häufig verwendeten Substanz	240	2720	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-	Länge der angemel.	Chromos. Lokalisat.
28	ca. 3 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	mäßige Homologie zur Glutamat-bindenden Untereinheit des NMDA-Rezeptors, möglicherweise humanes Gegenstück des Drosophila NMDA-Rezeptors assoziierten Proteins	244	1768	unbkt.
29	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes $\beta$ -Spectrin	247	3479	STS nicht gemappt
30	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt	88	933	unbkt.
31	ca. 3 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	wahrscheinlich humanes Gegenstück des "SRD-2 mutant sterol regulatory element binding protein-2 (AREBP-2)" von Cricetulus griseus	269	2783	Hum. Chrom. 12 zw. D12S1648u. D12S1620 (53-65 cM)
32	ca. 5 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Protein Kinase A Anker-Protein; bindet die regulatorische Untereinheit (RII) der Protein-Kinase A	265	3411	Hum. Chrom. 17 zw. D17S790u D17S794 (75-84 cM).

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
14	im normalen Brust- und Prostatagewebe erhöht	unbekannt	225	1710	unbkt.
15	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	228	3159	unbkt.
16	im normalen Brustgewebe erhöht	humaner nukleärer Faktor I-B2	249	1708	unbkt.
18	im normalen Brustgewebe erhöht	humanes Dermatoxin	188	1722	unbkt.
19	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	287	1612	unbkt.
20	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	144	387	unbkt.
21	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	248	1304	unbkt.
22	im normalen Brustgewebe erhöht	verwandt mit humanem inter-alpha-trypsin Inhibitor H (3)	288	1533	unbkt.
23	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	204	1304	unbkt.
24	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	291	2403	unbkt.
25	im normalen Brust- und Ovarialgewebe erhöht	unbekannt	286	2517	Chrom.2, D2S155-D2S2382
26	ca. 9 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgebe	pi-Untereinheit des humanen GABA-A Rezeptors	268	1668	unbkt.
27	ca. 7 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	Collagen IV (Alpha-Kette)	238	1416	Hum. Chrom.13 (D13S1315)

TABELLE I

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
1	im normalen Brustgewebe erhöht	humaner Prä-mRNA splicing Faktor	205	2031	unbkt.
2	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	248	1081	Chrom.3, D3S1265- D3S1311
3	im normalen Brustgewebe erhöht	humanes Homolog des Perilipin A aus Ratte	247	1318	unbkt.
4	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	256	731	unbkt.
5	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	237	2719	Chrom.15, D15S120- 15qter
10	im normalen Brustgewebe erhöht	humanes Homolog des fsp-27	310	786	Chrom.3, D3S1597- D3S1263
11	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	239	1062	Chrom.17, D17S787- D17S792
12	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	241	1471	Chrom.2, D2S315- D2S2237
13	im normalen Brustgewebe erhöht	humanes LOT1	214	2738	unbkt.

- Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits
- 5 oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid--Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

## 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz  $S$  eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu  $S$  homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu  $S$  gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

### Beispiel 3

#### Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz  $S$  vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu  $S$  homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research **23** 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz  $C$  aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz  $C$  wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz  $S$ . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für  $S$  abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht,  $C$  in gleicher Weise wie  $S$  zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_j$  ( $j$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_j > C_{j-1}$ ; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brustgewebe gefunden werden.



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0190	0.0000	undef
	Gehirn	0.0017	0.0033	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0077			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
20	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
35	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
45	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0511	0.0026	20.00330	0.0500
	Brust	0.0506	0.0044	11.62000	0.0861
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
15	Gehirn	0.0059	0.0077	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
20	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4996	2.0015
	Niere	0.0535	0.0000	undef	0.0000
30	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0064	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1090			
35	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0615			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
45	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0573			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0279			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0117			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0161			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
15	Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0055	0.3096	3.2295
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
20	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
30	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
35	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
40	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
50					
55					
60					
65					

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

## %Haeufigkeit

50	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
55	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit		
	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0173	0.0044	3.9753	0.2516
10	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0163	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0034	0.0131	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0047	1.3168	0.7594
20	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0076	0.0166	0.4571	2.1876
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0085	0.8390	1.1919
	Uterus	0.0165	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0156			
60	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0186	0.0026	7.2739	0.1375
	Brust	0.0666	0.0044	15.2895	0.0654
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0436	0.7954	1.2573
	Gastrointestinal	0.0078	0.0095	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0288	0.0077	3.7599	0.2660
	Haematopoetisch	0.0029	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0497	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0498	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0095	1.3168	0.7594
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0420	0.2039	4.9036
	Niere	0.0178	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0799			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5		Blase	0.0000	0.0000		undef	undef
		Brust	0.0120	0.0000		undef	0.0000
		Eierstock	0.0030	0.0000		undef	0.0000
		Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000		undef	undef
10		Gastrointestinal	0.0000	0.0000		undef	undef
		Gehirn	0.0051	0.0033		1.5482	0.6459
		Haematopoetisch	0.0000	0.0000		undef	undef
		Haut	0.0000	0.0000		undef	undef
		Hepatisch	0.0000	0.0000		undef	undef
15		Herz	0.0011	0.0000		undef	0.0000
		Hoden	0.0000	0.0000		undef	undef
		Lunge	0.0037	0.0024		1.5801	0.6329
		Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077		0.0000	undef
		Muskel-Skelett	0.0000	0.0000		undef	undef
20		Niere	0.0059	0.0000		undef	0.0000
		Pankreas	0.0000	0.0000		undef	undef
		Penis	0.0000	0.0000		undef	undef
		Prostata	0.0000	0.0000		undef	undef
		Uterus	0.0000	0.0000		undef	undef
		Brust-Hyperplasie	0.0000				
		Duennndarm	0.0000				
		Prostata-Hyperplasie	0.0000				
		Samenblase	0.0000				
		Sinnesorgane	0.0000				
30		Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35		Entwicklung	0.0000				
		Gastrointestinal	0.0000				
		Gehirn	0.0000				
		Haematopoetisch	0.0000				
		Herz-Blutgefasse	0.0000				
40		Lunge	0.0000				
		Niere	0.0000				
		Prostata	0.0000				
		Sinnesorgane	0.0000				
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
		Brust	0.0000				
		Eierstock-Uterus	0.0000				
50		Endokrines_Gewebe	0.0000				
		Foetal	0.0105				
		Gastrointestinal	0.0000				
		Haematopoetisch	0.0000				
		Haut-Muskel	0.0000				
55		Hoden	0.0000				
		Lunge	0.0000				
		Nerven	0.0100				
		Prostata	0.0000				
		Sinnesorgane	0.0077				
60							
65							

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.0253	0.0044	5.8100	0.1721
	Eierstock	0.0152	0.0312	0.4869	2.0537
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0163	0.8930	1.1198
10	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0170	0.0110	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0056	0.0378	0.1478	6.7637
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0118	0.4214	2.3732
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0300	0.0571	17.5127
	Niere	0.0297	0.0205	1.4472	0.6910
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0198	0.0142	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0327			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestenstinal	0.0123			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefaesse	0.0123			
40	Lunge	0.0259			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
50	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
55	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0141			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0506	0.0044	11.6200	0.0861
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0254	0.0137	1.8498	0.5406
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714	14.0102
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0872			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0071	0.8779	1.1391
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0236			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0026	5.4554	0.1833
	Brust	0.0093	0.0022	4.2811	0.2336
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465	2.2395
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0095	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0066	0.0214	0.3094	3.2316
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
55	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0102	2.2731	0.4399
	Brust	0.0240	0.0065	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0213	0.0416	0.5113	1.9559
	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0027	8.7071	0.1148
10	Gastrointestinal	0.0213	0.0381	0.5598	1.7863
	Gehirn	0.0136	0.0099	1.3762	0.7266
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0248	0.0129	1.9129	0.5228
	Herz	0.0191	0.0137	1.3873	0.7208
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0112	0.0095	1.1851	0.8438
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0149	0.0205	0.7236	1.3820
	Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292
30	Penis	0.0269	0.0267	1.0108	0.9893
	Prostata	0.0333	0.0170	1.9576	0.5108
	Uterus	0.0099	0.0071	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0343			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0140

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0137
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
55	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0385
	Sinnesorgane	0.0155

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0232	0.0204	1.1366	0.8799
	Brust	0.0267	0.0087	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0304	0.0130	2.3372	0.4279
10	Endokrines_Gewebe	0.0529	0.0735	0.7194	1.3901
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0170	0.0208	0.8148	1.2272
	Haematopoetisch	0.0070	0.0378	0.1848	5.4110
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0180	0.0550	0.3276	3.0528
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0249	0.0118	2.1069	0.4746
	Magen-Speiserohre	0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6662	1.5011
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0170	0.0055	3.0855	0.3241
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0357	0.0149	2.3971	0.4172
	Uterus	0.0297	0.0214	1.3925	0.7191
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0185			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0491			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0432			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0342			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0648			
	Roden	0.0312			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0192			
60	Sinnesorgane	0.0697			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2922	3.4228
10	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0119	0.0131	0.9031	1.1073
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus	0.0083	0.0142	0.5802	1.7235
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
55	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0271			
	Prostata	0.0192			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0306	0.0022	14.0663	0.0711
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0058	0.0238	0.2443	4.0937
10	Gehirn	0.0068	0.0022	3.0964	0.3230
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0075	0.0047	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0137
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0155

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0051	3.6370	0.2750
	Brust	0.0160	0.0044	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0201	0.1634	0.1228	8.1438
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0305	0.0110	2.7868	0.3588
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0244	0.0275	0.8864	1.1282
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0047	1.0534	0.9493
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9985	0.5004
	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0149	0.7990	1.2515
	Uterus	0.0099	0.0071	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0082
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0140

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0046
50	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0161
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0008	0.0011	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0279			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
55	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0213	0.0026	3.1803	0.1222
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0212	0.0077	2.7647	0.3617
	Haematopoetisch	0.0000	0.0373	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0087	0.0047	1.8435	0.5424
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0059	0.0011	5.4187	0.1845
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0446	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0075	0.0071	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3150	3.1748
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0208	0.0068	3.0391	0.3290
20	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0119	0.0106	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0383			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0137
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0065
55	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0325	0.0102	3.1823	0.3142
	Brust	0.0573	0.0109	5.2596	0.1901
	Eierstock	0.0334	0.0078	4.2849	0.2334
	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0218	1.5907	0.6286
	Gastrointestinal	0.0465	0.0238	1.9542	0.5117
10	Gehirn	0.0263	0.0361	0.7272	1.3752
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0497	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.1139	0.0647	1.7598	0.5682
	Herz	0.0424	0.0550	0.7707	1.2974
15	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0473	0.0236	2.0015	0.4996
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0383	0.7560	1.3228
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0060	3.4261	0.2919
	Niere	0.0654	0.0274	2.3879	0.4188
20	Pankreas	0.0133	0.0276	0.4800	2.0835
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0238	0.0149	1.5980	0.6258
	Uterus	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
	Duenndarm	0.0343			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0801			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0307
	Gastrointestinal	0.0277
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
	Herz-Blutgefuesse	0.0082
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0205
50	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0163
	Gastrointestinal	0.0732
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0259
55	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0191
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0542

60

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0200	0.0044	4.5868	0.2180
	Eierstock	0.0152	0.0104	1.4608	0.6846
	Endokrines Gewebe	0.0091	0.0054	1.6745	0.5972
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0110	0.0033	3.3545	0.2981
	Haematopoetisch	0.0056	undef	0.0000	undef
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0071	0.8779	1.1399
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2141	4.6701
20	Niere	0.0178	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0043	2.7966	0.3576
30	Uterus	0.0050	0.0214	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0540			

		FOETUS
		3Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0250
	Haematopoetisch	0.0275
	Herz-Blutgefasse	0.0082
	Lunge	0.0037
40	Niere	0.0185
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0558

45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		Häufigkeit
	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0310

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

2

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
	Brust	0.0133	0.0022	6.1158	0.1635
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756
	Niere	0.0149	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
30	Duendarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0198			
	Gastrointestinal	0.0000			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
55	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0097	0.0095	1.0178	0.9825
10	Gehirn	0.0025	0.0099	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0084	0.0378	0.2218	4.5091
	Haut	0.0099	0.0847	0.1175	8.5131
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0100	0.0095	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0060	5.7101	0.1751
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0071	0.0043	1.6779	0.5960
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0209			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
50	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0109	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0386	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0051
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0140

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0204
	Eierstock-Uterus	0.0091
	Endokrines_Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0227
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0077	2.4246	0.4124
	Brust	0.0293	0.0087	3.3637	0.2973
	Eierstock	0.0091	0.0234	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0327	0.2791	3.5833
	Gastrointestinal	0.0116	0.0143	0.8143	1.2281
10	Gehirn	0.0110	0.0110	1.0063	0.9937
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356
	Herz	0.0392	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0224	0.0071	3.1603	0.3164
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6281	1.5921
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
20	Pankreas	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0267	0.5615	1.7808
	Prostata	0.0238	0.0128	1.8644	0.5364
	Uterus	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duenn darm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0252			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0157
	Herz-Blutgefuesse	0.0245
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0997
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0297
	Endokrines_Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0251
	Gastrointestinal	0.0732
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0615
55	Hoden	0.0234
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0171
	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0232

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase 0.0186	0.0077	2.4246 0.4124
	Brust 0.0133	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0027	1.3396 0.7465
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
10	Gehirn 0.0017	0.0033	0.5161 1.9377
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.1494	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0162	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0394	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0106	0.2237 4.4697
	Uterus 0.0116	0.0142	0.8123 1.2311
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0093		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0031		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefuesse 0.1472		
40	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0408		
	Eierstock-Uterus 0.0274		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0012		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0130		
55	Hoden 0.0234		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			
65			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0281		0.1653	6.0490
	Brust	0.0120		0.0022		5.5042	0.1817
	Eierstock	0.0030		0.0104		0.2922	3.4228
	Endokrines_Gewebe	0.0146		0.0245		0.5954	1.6797
10	Gastrointestinal	0.0116		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0432		0.0142		3.0369	0.3293
	Haematopoetisch	0.0070		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0847		0.0587	17.0262
15	Hepatisch	0.0000		0.0129		0.0000	undef
	Herz	0.0159		0.0137		1.1561	0.8650
	Hoden	0.0061		0.0117		0.5224	1.9144
	Lunge	0.0037		0.0165		0.2257	4.4300
20	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069		0.0180		0.3807	2.6269
	Niere	0.0178		0.0068		2.6050	0.3839
	Pankreas	0.0057		0.0055		1.0285	0.9723
25	Penis	0.0090		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0119		0.0064		1.8644	0.5364
	Uterus	0.0066		0.0214		0.3094	3.2316
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
30	Duennndarm	0.0156					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0615					
	Gastrointestinal	0.0062					
	Gehirn	0.0250					
	Haematopoetisch	0.0039					
40	Herz-Blutgefasse	0.0164					
	Lunge	0.0074					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0140					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0136					
	Eierstock-Uterus	0.0320					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0058					
55	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0389					
	Hoden	0.0000					
60	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0261					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0310					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0200	0.0022	9.1737	0.1090
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0173	0.0044	3.9753	0.2516
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0019	0.0143	0.1357	7.3686
10	Gehirn	0.0017	0.0066	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0062	0.0118	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714	14.0102
20	Niere	0.0119	0.0068	1.7366	0.5758
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			